

T. H. Morgan

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

National Institute of Genetics

2016 要覧

国立大学法人 総合研究大学院大学

遺伝学専攻

Department of Genetics, SOKENDAI

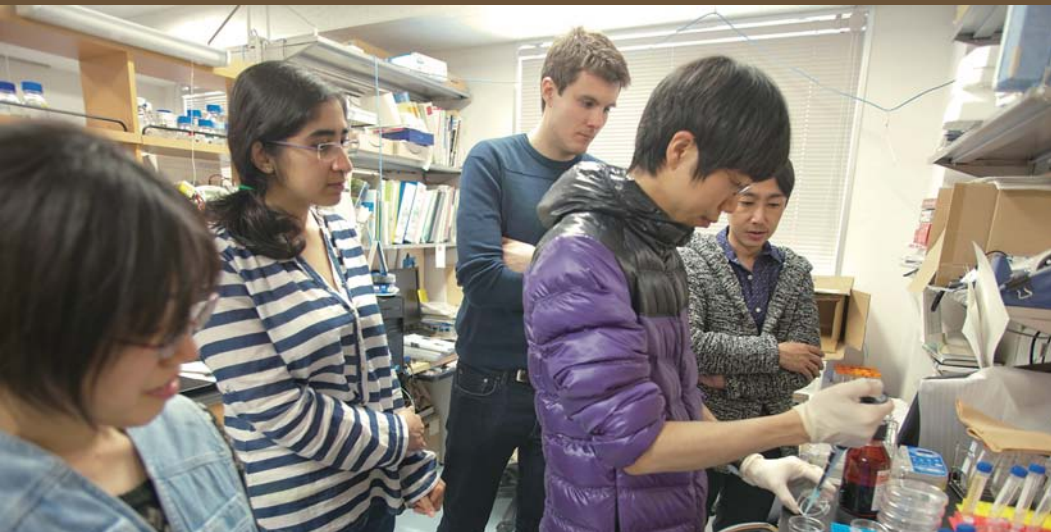


National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所







国立遺伝学研究所は、遺伝学の基礎とその応用に関する総合的研究を行い、学術研究の発展に寄与することを目的として設置された大学共同利用機関*です。
*大学共同利用機関は、個別の大学では整備や維持が困難な大型装置などを有し、全国の研究者との共同利用・共同研究を推進する研究機関です。

National Institute of Genetics (NIG) was established to carry out broad and comprehensive research in genetics. NIG contributes to the development of academic research as one of the inter-university research institutes constituting the Research Organization of Information and Systems (ROIS).

Message from the Director-General

遺伝学と「遺伝研の役割」

グレゴール・ヨハン・メンデルが修道院の庭でエンドウを交配し「遺伝の単位」を見つけたとき、誰が今日の遺伝学の隆盛を予見したでしょうか。その後、遺伝学は20世紀を通して学問として進歩し続け、ついに生命の究極の秘密に到達しました。それは、「すべての生命活動はDNAの遺伝情報が基盤となる」、すなわち「いのちは、ことばに支えられている」という秘密です。ここから遺伝学の全面的な展開が始まり、現在では生物学全体だけでなく医・薬・農・工など様々な応用科学にまで、遺伝学の果たす役割は広がっています。

国立遺伝学研究所（遺伝研）は、1949年に文部省の研究施設として設立され、木村資生博士による分子進化の中立説をはじめ、数多くの研究業績を上げてきました。また、1984年には、大学共同利用機関として、学術コミュニティー全体の研究を促進する役割を引き受け、1988年には、総合研究大学院大学の遺伝学専攻を受け持って、独自の大学院教育を行うようになりました。2004年に法人化されて、国立情報学研究所、国立極地研究所、統計数理研究所とともに大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構を構成し、情報とシステムという観点から未来の課題にも取り組んでいます。

現在の遺伝研では、約500人の様々な職種の人達が働き、研究、研究基盤整備、教育・人材育成という仕事をしています。研究では34のグループが、大腸菌からヒトまで、分子レベルから生物集団レベルまで、理論から実験まで、遺伝学に関わる幅広い分野で独創的な研究を行い、世界的な評価を受けています。研究基盤整備では、DNAデータベース（DDBJ）、実験生物系統の分与、先端ゲノミクス事業などにより、学術コミュニティーの研究に貢献しています。また、教育・人材育成では、学生当りの教員数の多さを生かした大学院教育を行うとともに、有望な若手研究者が新しい分野を開拓する新分野創造センターを作り、将来を見すえた体制作りも進めて来ました。

生物にはまだ多くの謎がありますが、遺伝情報という切り口から攻めることにより着実な成果が期待できます。私たちは、先達の努力を引き継ぎ、世界中の研究者と協力して研究を進め、その成果を人類全体の財産とすることが仕事と考えています。また、一般社会との対話を行いながら、この使命を果たしたいと考えています。

所長 桂 勲

Who could foresee the success of genetics when Gregor Johann Mendel cultivated pea plants in a monastery garden and found the unit of inheritance? After this great event, genetics, namely, the study of inheritance and variation of biological organisms, developed continuously through the 20th century and uncovered the ultimate secret of life: the activity of biological organisms is based on the genetic information of DNA, or life is supported by a simple linear code, i.e., "words". On this basis, genetics has now expanded not only to all fields of basic biology but also to many applied sciences.

The National Institute of Genetics was established at Mishima in 1949, and since has produced many outstanding scientific achievements including the neutral theory of molecular evolution by Motoo Kimura. Continuing the tradition, we are conducting research in many fields of genetics and related fields, ranging from bacteria to humans, from molecules to populations, and from theory to experiments. We consider this diversity of research is essential to the stimulating environment that fosters a community of researchers.

We serve the scientific community in Japan and the world by providing research infrastructure, including the DNA database (DDBJ), bio-resources of various experimental organisms, and advanced genomic services. Science education is also a central part of our activity, and we provide graduate education as the Department of Genetics, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies). In addition, constant dialog with non-scientists is an important part of our mission.

Genetic approaches remain critical for addressing key issues in the life sciences, and we will continue our commitment to excellence in research, service, and education.

KATSURA, Isao Director-General



Isao Katsura

Contents

目次

- 06** 所長あいさつ
Message from the Director-General
- 09** 概要
Outline
- 14** 遺伝研へのアクセス
Access to the Institute
- 15** 遺伝研マップ
Campus Map
- 遺伝研の研究活動**
- 17** 研究活動
Research Activities
- 54** 知的財産室
Intellectual Property Unit
- 55** リサーチ・アドミニストレーター室
Office for Research Development
- 56** ライフサイエンス統合データベースセンター
Database Center for Life Science
- 共同利用・共同研究**
- 58** 生物遺伝資源センター
Genetic Resource Center
- 59** 先端ゲノミクス推進センター
Advanced Genomics Center
- 60** DDBJセンター
DDBJ Center
- 61** 国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム
NIG Supercomputer System
- 62** 創薬等支援技術基盤プラットフォーム
Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science
- 63** 共同研究・研究会
Collaborative Research and Research Meetings
- 68** 国際交流
International Activities
- 70** 研究を促進するための活動と行事
Activities and Events for Research Promotion
- 71** 遺伝学電子博物館
Cyber Museum of Genetics
- 72** 総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻
Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI
- 遺伝研データ**
- 79** 運営
Management
- 83** 研究教育職員・研究員・学生
Research Staff and Students
- 87** 管理部と技術課職員
Staff of Administration Department and Technical Section
- 88** 沿革
History
- 90** 2015年に発行された論文一覧
Publications in 2015
- 93** 予算
Budget
- 93** 科学研究費
Grant-in-Aid for Scientific Research
- 94** バイオロジカルシンポジウム
Biological Symposia
- 96** 表彰・受賞歴
Awards and Honors
- 96** 知的財産権
Intellectual Property Rights
- 97** 情報・システム研究機構
Research Organization of Information and Systems
- 98** 国立大学法人 総合研究大学院大学
SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

Our Mission

遺伝研の活動

遺伝学の最先端研究 CUTTING-EDGE RESEARCH IN GENETICS

生命科学分野における中核研究機関として国際水準の先端的研究に取り組んでいます。
As a core institute of genetics, NIG conducts advanced research in the field of life sciences.

▶ p12

知的基盤整備事業 INTELLECTUAL INFRASTRUCTURE FOR LIFE SCIENCES

生命科学を支える中核拠点として、生物遺伝資源事業、先端ゲノミクス推進事業、DDBJ事業を行っています。
NIG houses Genetic Resource Center, Advanced Genomics Center and DDBJ Center, as a core institute to build the intellectual infrastructure that supports life sciences.

▶ p13

共同利用 RESEARCH COLLABORATIONS

全国の研究者のために共同研究の機会を提供し、またそのための施設の利用に応じます。
NIG offers collaborative research opportunities to researchers.

▶ p58

国際交流 INTERNATIONAL COLLABORATION

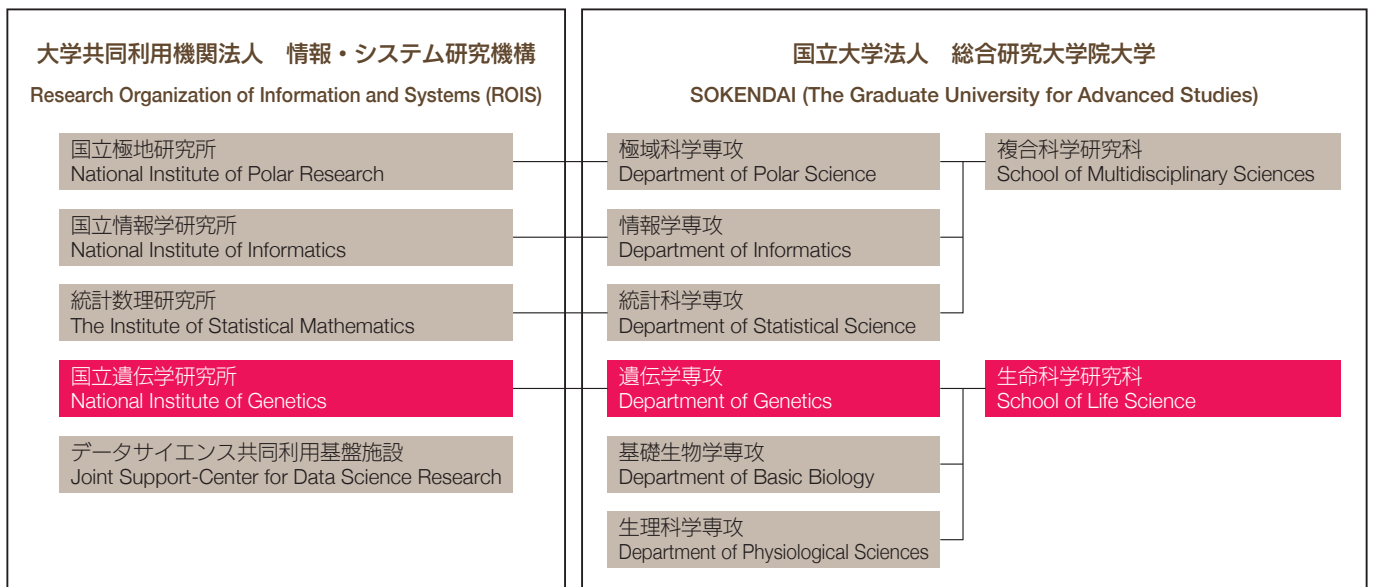
遺伝学の分野で国際的な学術交流を活性化するため、研究者の交流や国際シンポジウム等を開催しています。
NIG strives to promote international scientific exchanges by sponsoring international symposia and through the exchange of researchers.

▶ p68

大学院教育 EDUCATION FOR GRADUATE STUDENTS

総合研究大学院大学生命科学研究科の遺伝学専攻を担当して大学院学生の教育を行うとともに、その他の大学の大学院教育に協力します。
NIG accepts graduate students as the Department of Genetics, School of Life Sciences, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies), and also participates in the education of students from other universities.

▶ p72



Outline of Departments, Research Centers and Experimental Farm

研究系・研究センター等の概要

■ 分子遺伝研究系

染色体や中心体の生体内動態について複合的な方法を取り入れ研究を行うとともに、新たな研究手法の開発も行っている。

■ 細胞遺伝研究系

細胞内で観察される遺伝現象を分子レベルで解明することを目指して、生細胞及び無細胞系を用いた研究を行っている。

■ 個体遺伝研究系

ゼブラフィッシュ、マウスなどのモデル生物を用い、発生や行動など動物のさまざまな生命現象における遺伝子や細胞の役割についての研究を行っている。

■ 集団遺伝研究系

生物進化の歴史とその機構を解明する目的で、実験的及び理論的手法を用いて、遺伝子やゲノムのレベルから集団のレベルまで幅広く研究している。

■ 総合遺伝研究系

ヒトの高度表現型のシステム医学、脊椎動物の神経回路形成機構、および植物のエピジェネティック制御に関する総合的な研究を行っている。

■ 新分野創造センター

若手の優れた研究者が独立して研究室を運営し、遺伝学とその周辺領域に新しい分野を開拓する研究を行う。これにより、研究共同体の中で重要な役割を果たす人材を育成する。

■ 系統生物研究センター

独自に開発・収集したマウス、ゼブラフィッシュ、ショウジョウバエ、イネ、原核生物の実験系統など有用な生物遺伝資源に立脚して、特色のある先端的研究を推進している。

■ 構造遺伝学研究センター

分子から多細胞の各レベルで、遺伝学と構造生物学の境界領域で最先端の研究を行うとともに、生体内の構造を観察・解析する様々な手法を開発し、遺伝学に導入している。

■ 生命情報研究センター

生命情報学の拠点として、情報処理技術を駆使して生命現象の解明を目指した発見研究と生命科学の推進のための技術開発を行っている。

■ 実験圃場

植物の生殖研究を行うとともに、系統生物研究センターと連携して植物遺伝資源の収集、保存、分譲を行っている。

■ 放射線・アイソトープセンター

放射線や放射性同位元素を、研究利用するための共同利用施設である。¹³⁷Csを線源としたガンマ線照射装置を備えている。

□ 生物遺伝資源センター

生命科学を先導する様々なバイオリソースを開発し、それらの維持と国内外の大学や研究機関への分譲を行っている。関連情報は、データベース化して世界中に公開している。また、内閣府日本医療研究開発機構のナショナルバイオリソースプロジェクトにも参加している。

□ 先端ゲノミクス推進センター

学術分野における超大規模ゲノム情報研究推進の中核として先端ゲノミクス研究を進めるとともに、次世代型ゲノム情報解析パイプラインの提供等による共同利用・共同研究を推進する。

□ DDBJセンター

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) は論文や特許で公知にされる塩基配列データを網羅し管理公開する、米国 (NCBI) と欧州 (ENA/EBI) との協力事業である。他の生命系主要データベースや解析ツールと共にスーパーコンピューターを用いて公開している。

□ 情報基盤ユニット

研究所全体のネットワーク・ウェブサーバー管理および情報セキュリティ対策を行う。また利用者向けセキュリティ講習会やメール等のアカウント管理も実施している。

□ マウス研究支援ユニット

マウスを用いた研究のサポートを目的として、胚及び精子凍結・マウスクリーニング・トランスジェニックマウス及び遺伝子ノックアウトマウス作製などを行う。

□ 動物飼育実験施設

所内におけるマウス・ラットなどの実験動物の主要な飼養保管施設として、動物の飼育及び実験のサポートを行い、研究・教育の推進に貢献する。

■ Department of Molecular Genetics

The dynamics of chromosome and centrosome have been studied using innovative and multi-disciplinary approaches, as well as development of new technology for research.

■ Department of Cell Genetics

Fundamental genetic phenomena are being studied in living cells and in cell-free systems to explain the phenomena observed at the cellular level in molecular terms.

■ Department of Developmental Genetics

We study roles of genes and cells during various biological phenomena of animals including development and behavior by using model organisms, such as zebrafish, and mouse.

■ Department of Population Genetics

We are conducting experimental and theoretical studies on the history and mechanisms of organismal evolution from the gene and genome level to the population level using various organisms, such as human, *Drosophila*, fish, and mouse.

■ Department of Integrated Genetics

By integrating various approaches in genetics, we study systems medicine on complex human traits, neural network formation of vertebrates, and epigenetic controls of plants.

■ Center for Frontier Research

The Center for Frontier Research provides promising young scientists with independent positions and an opportunity of developing new frontiers in genetics and related research fields. The Center thereby brings up scientists who will play crucial roles in academic fields in the future.

■ Genetic Strains Research Center

This center promotes forefront researches of life science based upon unique bioresources of mice, zebrafishes, *Drosophila*, rice and microorganisms, which are developed and collected by this center.

■ Structural Biology Center

This center was founded to perform the pioneering researches in the new area between genetics and structural biology, and to develop new methods and techniques for the area.

■ Center for Information Biology

Develop the technologies and resources to make the massive data available, useful and meaningful for the domain. Also conducts some wet or dry experiments for knowledge discovery.

■ Experimental Farm

We study plant reproduction, and also conduct collection, conservation and distribution of plant genetic resources in cooperation with Genetic Strains Research Center.

■ Radioisotope Center

The Radioisotope Center has facilities for biochemical experiments using radioactive tracers. Irradiation treatment of ¹³⁷Cs is also available.

□ Genetic Resource Center

The center develops and preserves forefront bioresources of various organisms, and distributes them to domestic and overseas universities and institutes. The related information is open to the public through the databases. The center participates actively in "National BioResource Project (NBRP)" of AMED.

□ Advanced Genomics Center

This Center is designed to conduct most advanced genomic researches and to provide resources based on new-generation sequencing pipeline to the community.

□ DDBJ Center

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) is a member of the international collaboration with NCBI (USA) and ENA/EBI (Europe) that releases a whole catalogue of identified DNA sequences. DDBJ is hosted by a supercomputer that also provides powerful analytical tools and other databases.

□ Information and Technology Unit

The unit maintains the network and web servers of the entire institute and ensures information security. It also provides training courses for security and manages email and web accounts.

□ Mouse Research Supporting Unit

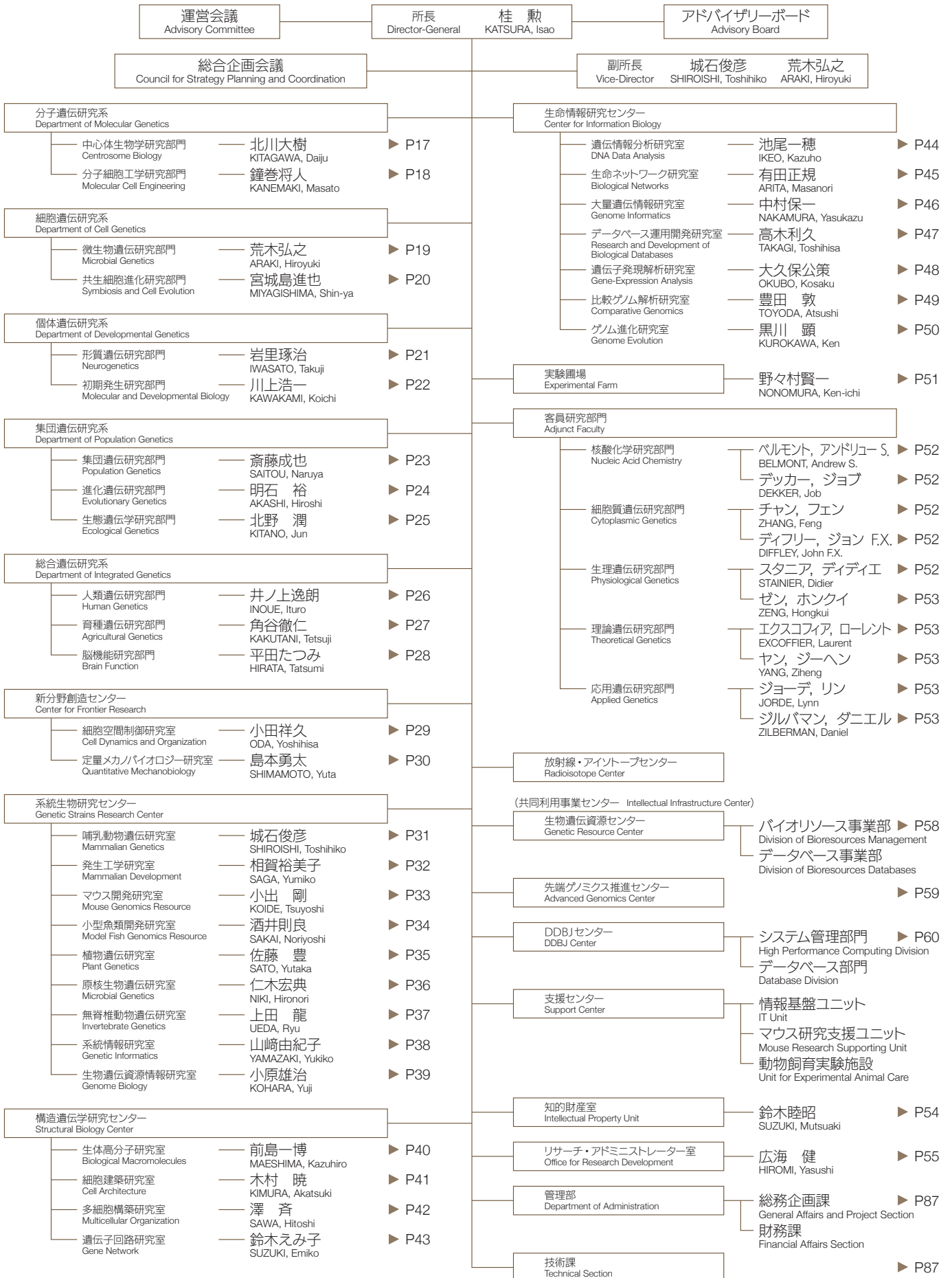
In order to facilitate mouse research in NIG, the unit offers services such as embryo freezing, in vitro fertilization, mouse cleaning, and transgenic and knockout mouse production.

□ Unit for Experimental Animal Care

The unit run a main animal facility of NIG, and aim to contribute to research and education by providing suitable rearing condition and research environment to use mice and rats.

Organization

組織



2016年4月1日現在
as of April 1, 2016

Cutting-edge Research : A Core Institute for Life Sciences

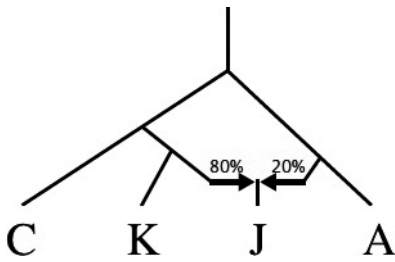
遺伝学の中核拠点としての先端研究活動

生命はゲノムに書き込まれた遺伝情報と内外環境との相互作用で作られる複雑なシステムです。この生命システムの解明をめざして、細胞機能、発生・分化、進化・生物多様性、ゲノム情報などについて先端研究を進めています。

Life is a complex system generated by the mutual interaction between genetic information engraved in the genome and the internal and external environments. At the National Institute of Genetics (NIG), cutting-edge research is conducted in areas such as cell function, development and differentiation, evolution and diversity, and genome information, aiming to clarify the system of life.

▶ Research Highlights

最近の研究成果より



東アジア4人類集団の系統関係。A: アイヌ人、J: 日本列島本土人、K: 韓国人、C: 北方中国人。

Phylogenetic relationship of four human populations in East Asia. A: Ainu, J: Japanese Archipelago mainlanders, K: Koreans, C: Northern Chinese.

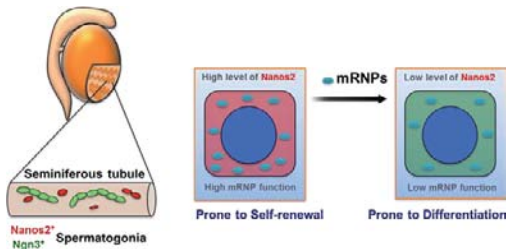
日本列島本土人の成立

日本列島の本土人は、縄文人と渡来人の混血だと考えられています。斎藤教授らはアイヌ人を縄文人の子孫、大陸の東アジア人を渡来人の子孫と仮定するモデルを用い、ヒトゲノムのDNAデータから、本土人における縄文人の遺伝的割合はおよそ20%であり、またアイヌ人と本土人の混血は、6~7世紀にはじまったと推定しました。

Establishment of Japanese Archipelago Mainlanders

Mainlanders of Japanese Archipelago are result of admixture between Jomon people and migrants. If we assume Ainu and continental East Asians as descendants of Jomon and migrants, respectively, proportion of Jomon DNAs in mainlanders was about 20%, and admixture between mainlanders and Ainu started at 6-7th Century.

Jinam, T.A., Kanzawa-Kiriyama, H., Inoue, I., Tokunaga, K., Omoto, K., and Saitou, N. (2015). Unique characteristics of the Ainu population in Northern Japan. *J Hum Genet* 60, 565-571.



Nanos2はmRNPの形成を介して精子幹細胞の未分化性を維持する。Nanos2の発現が高い細胞は、多くのmRNPが形成され、分化関連遺伝子やmTORCシグナルの抑制を介して分化抑制する。

Nanos2 promotes mRNP formation and contribute to the maintenance of undifferentiated state of spermatogonial stem cells. Upon decreasing of Nanos2 level, stem cells shift to differentiation pathway.

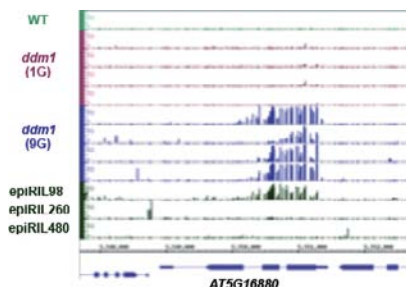
RNA制御による精子幹細胞の維持機構を解明

成人男性が50年以上の長期間にわたって精子形成を継続的に維持できる理由は、精子幹細胞が自己複製と精子形成をバランスよく調整しているからです。相賀教授らは精子幹細胞に発現するRNA結合タンパク質Nanos2がmRNP顆粒の機能を制御する緩衝因子として機能しており、その発現量に依存した転写後調節機構で幹細胞能を制御することを明らかにしました。

A post-transcriptional buffering system to maintain spermatogonial stem cells

Prof. Saga and colleagues find that Nanos2, an evolutionarily conserved RNA-binding protein, works with other cellular messenger ribonucleoprotein (mRNP) components to ensure the primitive status of SSCs. This mechanism establishes a post-transcriptional buffering system to facilitate SSC homeostasis in the fluctuating environment within the seminiferous tubule.

Zhou, Z., Shirakawa, T., Ohbo, K., Sada, A., Wu, Q., Hasegawa, K., Saba, R., and Saga, Y. (2015). RNA Binding Protein Nanos2 Organizes Post-transcriptional Buffering System to Retain Primitive State of Mouse Spermatogonial Stem Cells. *Dev Cell* 34, 96-107.



1世代目のddm1変異体(1G)では見られなかったメチル化の増加が9世代目の変異体で確認された。

The methylation accumulated in the 9th generation of ddm1 mutant (9G), but not in the 1st generation (1G).

ゲノム中のDNAメチル化の割合を制御する機構

DNAメチル化は遺伝子の活性制御に重要であり、植物では、ゲノム上のメチル化のパターンが世代をこえて維持されています。角谷教授らはシロイヌナズナの低メチル化を引き起こす変異体のメチル化パターンを数世代にわたって観察しました。その結果、ゲノム全体のDNAメチル化が低下すると、世代をこえて働く負のフィードバックによってメチル化の割合が制御されることを明らかにしました。

Mechanisms to control proportion of DNA methylation within the genome

DNA methylation is important for controlling gene expression, and DNA methylation pattern can be inherited over multiple generations in plants. Using Arabidopsis mutants with reduced genomic DNA methylation, Kakutani group identified genome-wide negative feedback mechanisms, which control proportion of DNA methylation within the genome in trans-generational manners.

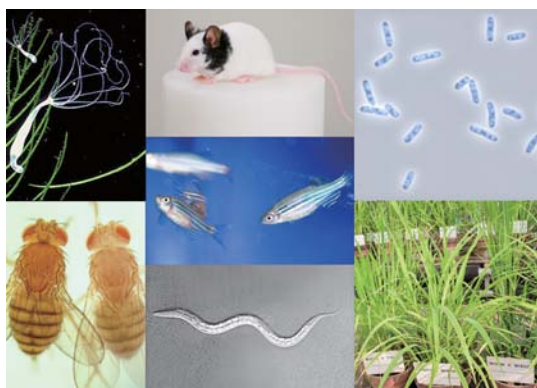
Ito, T., Tarutani, Y., To, T.K., Kassam, M., Duvernois-Berthet, E., Cortijo, S., Takashima, K., Saze, H., Toyoda, A., Fujiyama, A., Colot, V., and Kakutani, T. (2015). Genome-wide negative feedback drives transgenerational DNA methylation dynamics in Arabidopsis. *PLoS Genet* 11, e1005154.

Intellectual Infrastructure Supporting Life Sciences

生命科学を支える知的基盤整備事業

生物遺伝資源（バイオリソース）、先端ゲノミクス推進、DDBJ（日本DNAデータバンク）の3つの研究事業を国際的な中核拠点として運営しています。他の大学や研究機関とも連携したこれらの事業により生命科学を先導し、研究コミュニティを支援しています。

NIG operates three research infrastructure projects as an international center of life sciences: BioResource Project, Advanced Genomics Project, and DDBJ Project. Through promoting research collaborations with other universities and research institutions, NIG advances the frontier of life science and supports the entire scientific research community.



生物遺伝資源（バイオリソース）事業

学術研究用生物系統の開発、収集、提供を主体としたバイオリソース事業を展開し、全国の中核拠点として機能しています。内閣府日本医療研究開発機構NBRPの生物種別の中核代表機関としても活動し、さらに情報センターとして大学等と連携してバイオリソースデータベースの構築と公開運用を進めています。

BioResource Project

NIG serves as a center for developing, collecting, and distributing biological resources of various strains of experimental organisms for academic research. NIG also plays an important role as a central institution for individual National BioResource Projects and functions as its information center to promote development of biological resource databases in collaboration with universities and other organizations.

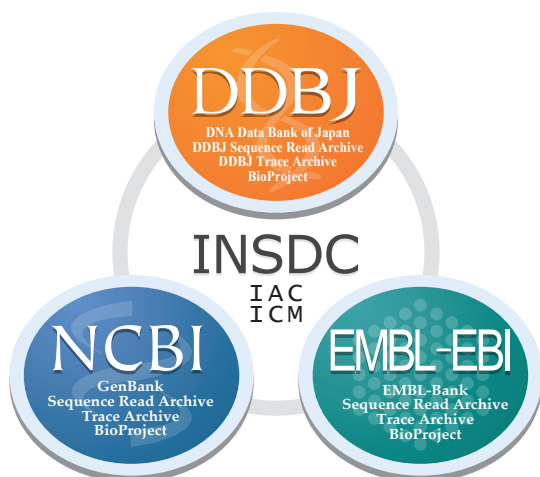


先端ゲノミクス推進事業

2011年度から、先端ゲノミクス推進センターを中心に活動しています。これまでに、900検体を越える試料について最新のシーケンシング技術を駆使してゲノム情報を産出しており、学術分野における先端ゲノミクス推進の中核として事業を進めています。

Advanced Genomics Project

NIG is top in the nation for technical know-how for complete sequencing of multicellular organism genomes. NIG has conducted analyses of genes and genomes of >44 species in collaboration with many organizations (universities and research groups). NIG is a key producer of genomic information.



DDBJ（日本DNAデータバンク）事業

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) は1987年に設立され学術論文や特許公報等を通じて公知にされる塩基配列データをすべて網羅し、世界の公共財として維持管理する国際学術事業を行っています。この事業は、米国のNCBIおよび欧州のENA/EBIとの3者の協力体制で行われており、3者の間では受付後公開されるデータは毎日交換され、世界共通のデータベース『INSDC国際塩基配列データベース』がつけられます。3者のどこで登録を受けても世界で同時に公開されます。

DDBJ Project

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) was established in 1987 and joined international data exchange and archiving scheme between NCBI and ENA/EBI. This tripartite collaboration is called INSDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration). DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of the three data inlets and outlets to the "INSDC".

Access to the Institute

遺伝研へのアクセス

遺伝研周辺地図



遺伝研詳細地図



三島駅までのアクセス

How to get to JR Mishima Station

- 羽田空港 Haneda Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station
 京急 約20分 20min by Keikyu Line
 新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 成田空港 Narita Airport → 品川駅 JR Shinagawa Station → 三島駅 JR Mishima Station
 JR 約1時間 1hr by JR Narita Express
 新幹線こだま 約50分 50min by Shinkansen (Kodama)
- 新大阪駅 JR Shin-Osaka → 三島駅 JR Mishima Station
 新幹線ひかり 約2時間 2hr by Shinkansen (Hikari)

三島駅から遺伝研までのアクセス

Access from JR Mishima Station to NIG

- 三島駅からの距離 約4km
 About 4km from JR Mishima Station
- シャトルバス
 北口4番乗り場から約15分 (平日のみ運行)
 15min by the NIG Free Shuttle Bus (North Exit #4)
 - 路線バス
 南口5番乗り場から約20分
 「柳郷地行き」 遺伝研前下車、または、「夏梅木行き」
 「玉沢・社会保険病院行き」 遺伝研坂下下車徒歩10分
 20min by Local Bus (South Exit #5)
 - タクシー
 南口・北口共に約15分
 15min by Taxi

Campus Map

遺伝研マップ



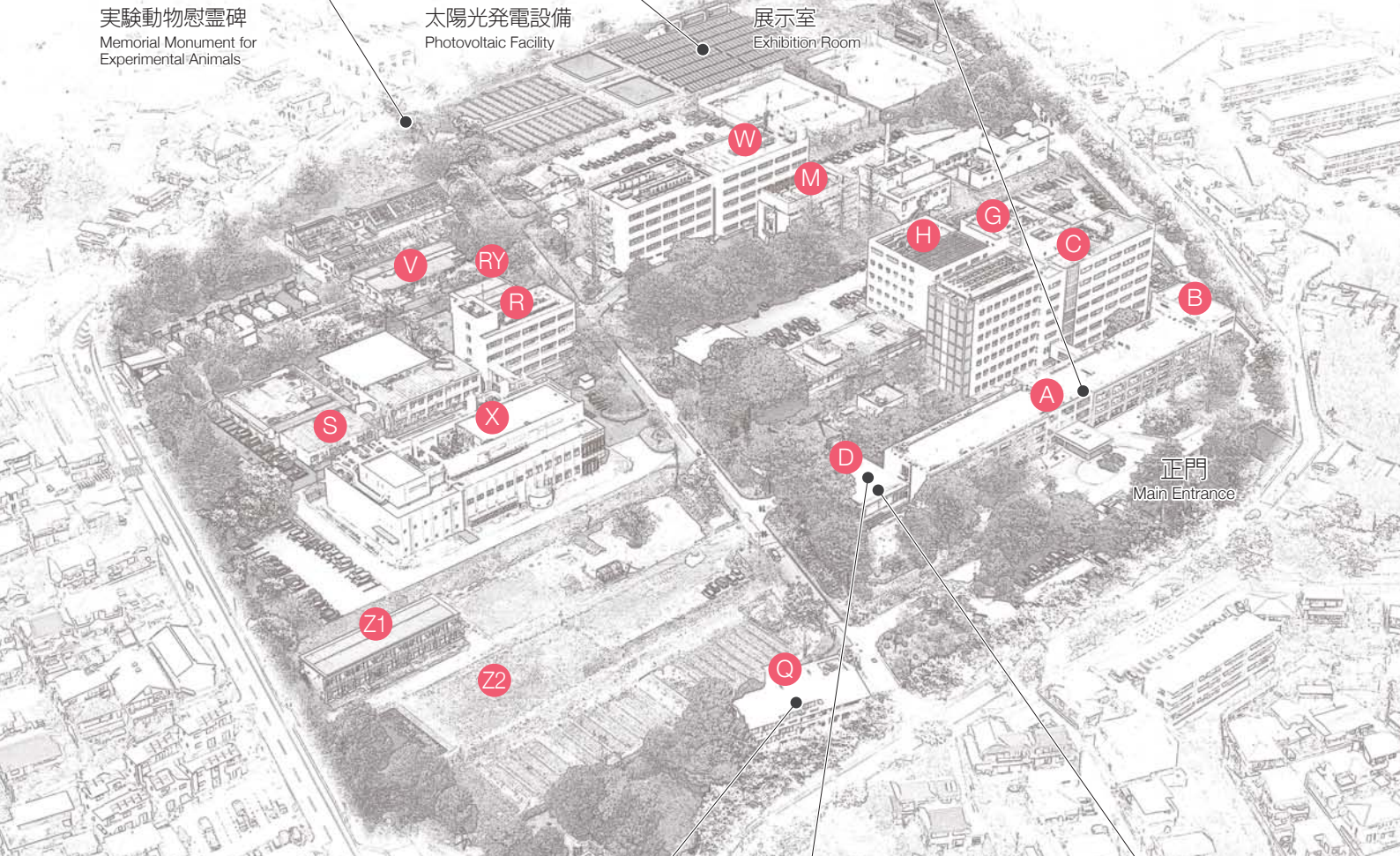
実験動物慰霊碑
Memorial Monument for
Experimental Animals



太陽光発電設備
Photovoltaic Facility



展示室
Exhibition Room



研究員宿泊施設
Guest House



講堂
Lecture Hall



食堂
Cafeteria

- A** 本館
Main Building
- B** 図書館
Library
- C** 研究実験棟
Laboratory Building
- D** 講堂棟
Lecture Hall
- G** 構造遺伝学研究センター
Structural Biology Center
- H** RI実験棟
Radioisotope Laboratory

- M** 電子計算機棟
Computer Building I
- Q** 研究員宿泊施設
Guest House
- R** 系統生物研究センター
Genetic Strains Research Center
- RY** 系統生物附属プレハブ棟
Genetic Strains Research Center Annex
- S** 系統生物西附属棟
Genetic Strains Research Center West Building
- V** 実験圃場管理施設
Administration Building for Experimental Farm

- W** 生命情報研究センター
Center for Information Biology
- X** 動物飼育実験棟
Animal Research Building
- Z1** 所内宿舎 1号棟
Official Housing I
- Z2** 所内宿舎 2号棟
Official Housing II

研究所の敷地と建物

土地総面積 101,363㎡
Institute Facilities and Grounds

内訳
Details

- 研究所敷地 94,095㎡
Institute Area
- 宿舎敷地 7,268㎡
Residential Area

建築面積 16,972㎡
Building Area

建物延面積 41,816㎡
(Total Floor Space)

(2016年4月1日現在)

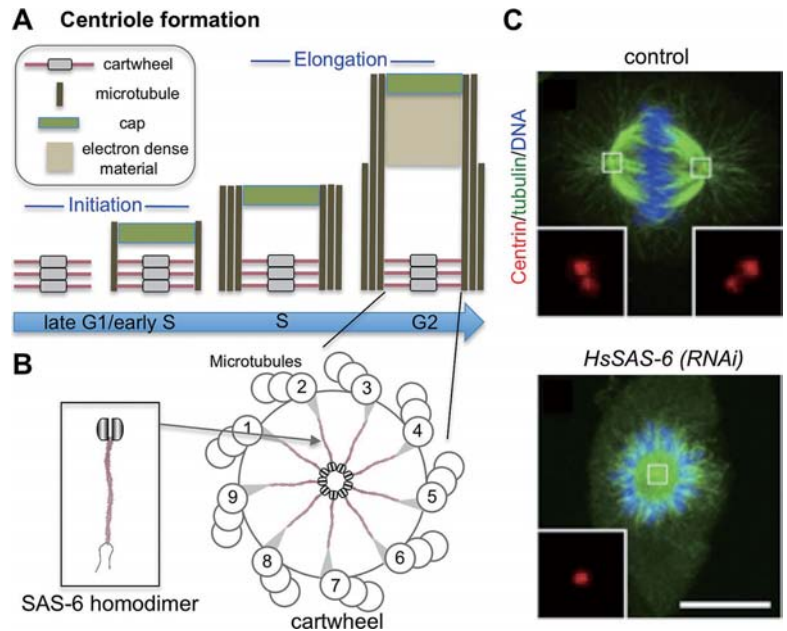
Research Activities

遺伝研の研究活動



The mechanisms of centrosome duplication and dynamics

中心体の自己複製機構と生体内動態、そして起源の解明



(A) 細胞周期に依存した中心小体の構築。(B) SAS-6 二量体がカートホイール構造の中心部分を形成し、9回対称性を規定する。(C) SAS-6 は中心小体複製に必要である。ヒト培養細胞において RNAi 法により SAS-6 を発現抑制すると中心小体複製が阻害される。Centrin: 中心小体マーカー。

(A) Cell cycle-dependent centriole formation. (B) SAS-6 homodimers dictate the universal 9-fold symmetry of centrioles. (C) HsSAS-6, human SAS-6, is required for centriole formation in human cells. Centrin: centriole marker.

進化上保存された細胞小器官である中心体は微小管ネットワーク形成、ゲノム安定性維持を含む多様な生理現象を制御することで細胞がん化、遺伝病、不妊症を含む様々な疾患と密接に関与しています。これらの現象を司る上で、細胞分裂時に中心体は一度だけ自己複製する必要がありますが、そのメカニズムに関しては未解明な部分が多く、生物学の最大の謎の一つとされています。当研究室ではヒト培養細胞、マウス、線虫を材料とし、多彩な手法を融合することで中心体構築、複製、動態の基本原則を解明することを目指します。

The centrosome is a conserved organelle that serves as the microtubule organizing center and regulates many biological processes. However, the mechanisms governing centrosome duplication and the underlying structural principles remained poorly understood and represent a long-lasting important question in biology.

We mainly focus on understanding the mechanisms of centrosome biogenesis and dynamics by using the combination of innovative and multi-disciplinary approaches. We are investigating the following specific aims by using human cells, mouse, and *C. elegans* as model systems.

Selected Publications

Shiratsuchi, G., Takaoka, K., Ashikawa, T., Hamada, H., and Kitagawa, D. (2015). RBM14 prevents assembly of centriolar protein complexes and maintains mitotic spindle integrity. *EMBO J* 34, 97-114.

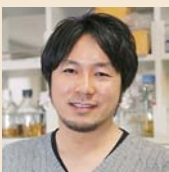
Kitagawa, D., Vakonakis, I., Olieric, N., Hilbert, M., Keller, D., Olieric, V., Bortfeld, M., Erat, M.C., Flückiger, I., Gönczy, P., and Steinmetz, M.O. (2011). Structural basis of the 9-fold symmetry of centrioles. *Cell* 144, 364-375.

Ohta, M., Ashikawa, T., Nozaki, Y., Kozuka-Hata, H., Goto, H., Inagaki, M., Oyama, M., and Kitagawa, D. (2014). Direct interaction of Plk4 with STIL ensures formation of a single procentriole per parental centriole. *Nat Commun* 5, 5267.

Division of Centrosome Biology 中心体生物学研究部門

https://www.nig.ac.jp/labs/CentrBio/Centrosome_Laboratory_web_Site/Welcome.html

Kitagawa Group 北川研究室



KITAGAWA, Daiju
Professor
北川大樹 教授

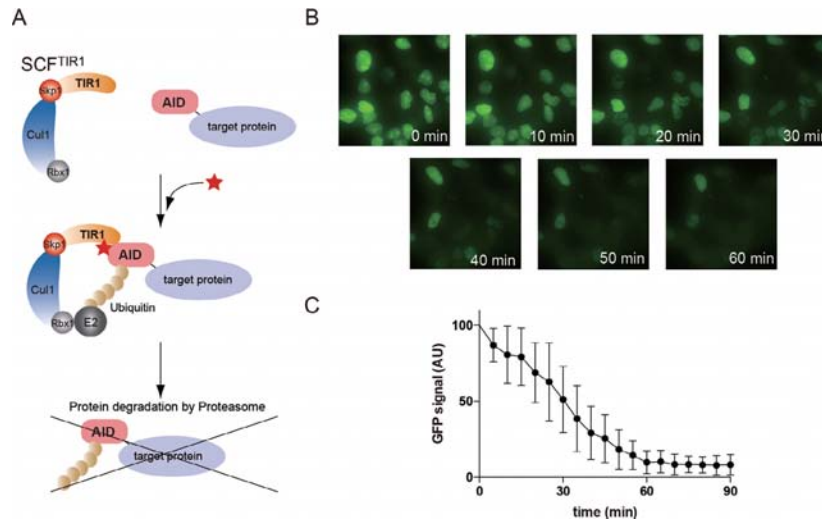


TAKAO, Daisuke
Assistant Professor
高尾大輔 助教
(7月1日着任予定)



A new molecular genetics to understand DNA transactions in human cells

ヒト細胞における新たな分子遺伝学を用いたDNAトランスアクションの解析



オーキシン誘導デグロン (AID) 法

(A) AID法の原理。植物由来のF-box 因子TIR1を発現させた細胞において、TIR1は内在性因子とSCF-TIR1 E3ユビクチンリガーゼ複合体を形成する。オーキシンはTIR1とAIDタグの結合を促進することで、AID融合タンパク質を分解に導く。(B) TIR1とGFP-AIDに核局在シグナルを融合したタンパク質を人293細胞に発現させた。培地にオーキシン添加後、経時的にGFPを観察した。(C) GFPシグナルを定量化した。60分程度で大部分のGFPが分解されていることがわかる。

The AID system

(A) Schematic illustration of the AID system. TIR1 derived from a plant forms an SCF-TIR1 E3 ubiquitin ligase with the endogenous factors when expressed in human cells. Auxin promotes the interaction between TIR1 and AID for poly-ubiquitination of AID. Therefore, AID-fused proteins are degraded by the proteasome. (B) TIR1 and GFP-AID fused with a nuclear localization signal were expressed in human 293 cells. After addition of auxin, GFP was detected by a time-lapse microscopy. (C) Quantification of GFP signal. Most of GFP was degraded by 60 min.

当研究室は、植物ホルモンオーキシンにより活性化される、植物内のタンパク質分解メカニズムをヒト細胞に移植することで、特定のタンパク質をオーキシン依存的に分解除去するAID法を開発しました。さらに、CRISPR/Casゲノム編集技術と組み合わせ、ヒトコンディショナル変異細胞を作る方法を確立しました。作成した変異細胞では、半減期30分以下で標的タンパク質を分解除去することができます。AID技術を応用してヒトゲノムDNAがいかに維持されているのか、特にDNA複製と他のDNAトランスアクションの関連性を明らかにしようとしています。

We established the auxin-inducible degron (AID) system, with which the expression of proteins of interest can be rapidly controlled by addition of a plant hormone, auxin. By combining the CRISPR/Cas-based gene-editing technology with the AID system, we can now make human conditional mutants, in which proteins of interest can be depleted in a half-life of less than 30 min. By applying the AID technology, we wish to understand how genomic DNA is maintained in human cells. In particular, we are focusing on the relationship between DNA replication and other DNA transactions.

Selected Publications

Natsume, K., Kiyomitsu, T., Saga, Y., and Kanemaki, M.T. (2016). Rapid protein depletion in human cells by auxin-inducible degron tagging with short homology donors. *Cell Reports* 15, 210-218.

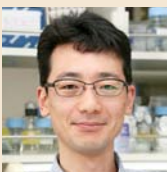
Nishimura, K., Ishiai, M., Horikawa, K., Fukagawa, T., Takata, M., Takisawa, H., and Kanemaki, M.T. (2012). Mcm8 and Mcm9 Form a Complex that Functions in Homologous Recombination Repair Induced by DNA Interstrand Crosslinks. *Molecular Cell* 47, 511-522.

Nishimura, K., and Kanemaki, M.T. (2014). Rapid Depletion of Budding Yeast Proteins via the Fusion of an Auxin-Inducible Degron (AID). *Current Protocols in Cell Biology* 64, 20.9.1-20.9.16.

Division of Molecular Cell Engineering 分子細胞工学研究部門

<https://www.nig.ac.jp/labs/MolFunc/Jpn/>

Kanemaki Group 鐘巻研究室

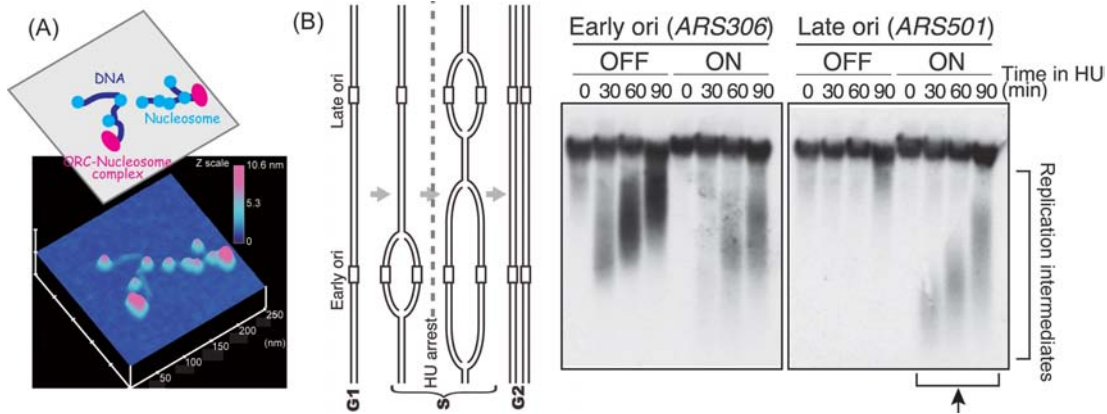


KANEMAKI, Masato
Professor
鐘巻将人 教授



Molecular mechanism of eukaryotic DNA replication in the cell cycle

真核生物染色体のDNA複製機構とその細胞周期による調節



(A) 複製開始領域を決定するORC複合体は、ヌクレオソームとの相互作用を介して安定に複製開始領域に結合する。図はORC-ヌクレオソーム複合体のAFM像。(B) 複製開始のタイミングはSld3-Sld7-Cdc45複合体が制御している。細胞内でこの複合体を過剰発現させる(図中“ON”)と複製のタイミングが異常を示し、late originの複製が早期に開始する(図中矢印)。

(A) AFM image of ORC-chromatin complexes. ORC (origin recognition complex) binds to replication origins, where DNA replication is initiated. We revealed that chromatin structure stabilizes origin-ORC interaction. (B) Origin association of the low abundance replication proteins Sld3, Sld7, and Cdc45 is the key to determining the temporal order of origin firing. Simultaneous over-expression of these proteins (“ON” in the figure) allows the late-firing origins to fire earlier in S phase (arrow in the figure).

真核生物の染色体DNAは、細胞周期のS期に一度だけ正確に複製され、娘細胞に分配されます。この機構により、遺伝情報は親から子に過不足無く正確に伝わります。真核生物のDNA複製は、染色体上に散在する複数の場所から開始し、その開始が細胞周期により厳密に制御されています。しかし、染色体DNA複製の開始がどのように行われ、どうしてS期だけに複製されるのか、その詳細はよく分かっていません。本研究室ではこの問題に答えるため、出芽酵母を真核生物のモデル系として、染色体DNA複製機構とその制御の研究を行っています。

Eukaryotic chromosome DNA is replicated exactly only once per cell cycle and segregated to daughter cells. This process ensures cells to transmit accurate genomic information to their progeny. Eukaryotic DNA replication initiates from multiple sites, called replication origins, scattered throughout chromosomes and this initiation process is strictly regulated by the cell cycle. However, molecular mechanism of DNA replication and its regulation in eukaryotic cell cycle have not been well elucidated. To approach this subject, we have isolated novel replication factors of budding yeast and analyzed their functions.

Selected Publications

Itou, H., Muramatsu, S., Shirakihara, Y., and Araki, H. (2014). Crystal Structure of the homology domain of the eukaryotic DNA replication proteins Sld3/Treslin. *Structure* 22, 1341-1347.

Tanaka, S., Komeda, Y., Umemori, T., Kubota, Y., Takisawa, H., and Araki, H. (2013). Efficient initiation of DNA replication in eukaryotes requires Dpb11/TopBP1-GINS interaction. *Mol Cell Biol* 33, 2614-2622.

Hizume, K., Yagura, M., and Araki, H. (2013). Concerted interaction between origin recognition complex (ORC), nucleosomes and replication origin DNA ensures stable ORC-origin binding. *Genes Cells* 18, 764-779.

Division of Microbial Genetics 微生物遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/labs/MicGen/index.html>

Araki Group 荒木研究室



ARAKI, Hiroyuki
Professor
荒木弘之 教授



TANAKA, Seiji
Assistant Professor
田中誠司 助教

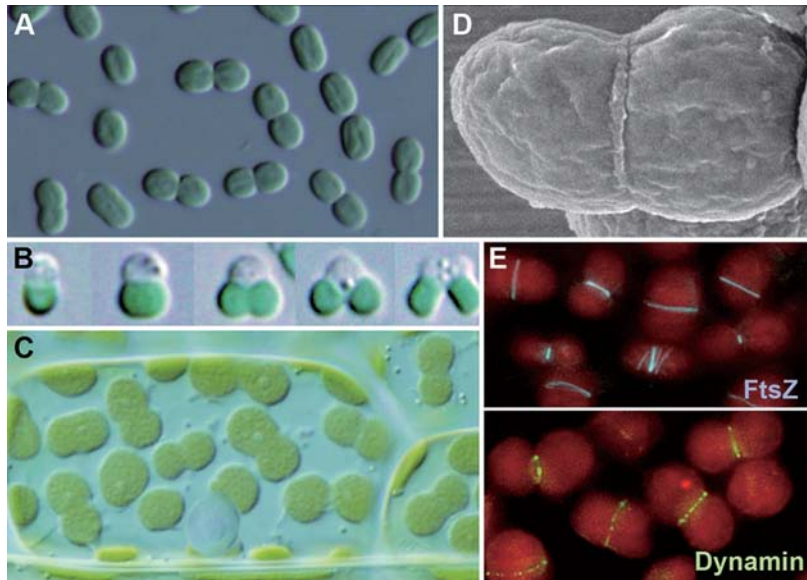


HIZUME, Kohji
Assistant Professor
日詰光治 助教



Evolutionary integration of two independent organisms by endosymbioses

細胞内共生による異種細胞の統合機構の解明



祖先のシアノバクテリア (A) と同様に、葉緑体は分裂によって増殖します (B, 単細胞の藻類; C, 陸上植物の細胞)。我々は、葉緑体分裂がその分裂面に形成される分裂装置 (リング) の収縮によって行われること (D)、分裂装置がシアノバクテリア由来の FtsZ と宿主細胞が加えた Dynamain 等から構成されていることを明らかにしました (E)。

Reminiscent of their cyanobacterial (A) ancestor, chloroplasts replicate by binary division (B, unicellular algae; C, land plant cells). Chloroplast division is performed by the division ring (D) which involves cyanobacterial FtsZ and eukaryotic dynamain (E).

真核細胞内のエネルギー変換器、ミトコンドリアと葉緑体は、バクテリアが真核細胞内に共生して誕生しました。その他にも、真核細胞が別の細胞を取り込み新機能を獲得する例は広く存在します。このような二種の細胞の世代を超えた持続的統合には、宿主細胞と共生細胞の協調増殖機構の確立が必須です。私たちは、(1) 真核細胞による葉緑体とミトコンドリアの増殖制御、(2) 細胞内小器官によるエネルギー供給と細胞の増殖の関係、(3) 葉緑体とミトコンドリア以外の細胞内共生系における宿主細胞と共生体細胞の協調増殖機構を理解することで、細胞内共生成立の基本原理の解明を目指しています。

Mitochondria and chloroplasts, energy-converting organelles in eukaryotic cells, are relicts of ancient bacterial endosymbionts. In addition to these particular organelles, there are many other endosymbiotic events which have integrated new functions into eukaryotic host cells. In order to maintain a permanent endosymbiotic relationship, a host cell and an endosymbiotic cell coordinate their proliferation. The major goal of our study is to understand how organelle (or other endosymbiotic cell) division is controlled by host cells and how host cells proliferate depending on chemical energy that are supplied by organelles (or other endosymbiotic cells).

Selected Publications

Miyagishima, S., Fujiwara, T., Sumiya, N., Hirooka, S., Nakano, A., Kabeya, Y., and Nakamura, M. (2014). Translation-independent circadian control of the cell cycle in a unicellular photosynthetic eukaryote. *Nat Commun* 5, 3807.

Kabeya, Y., and Miyagishima, S. (2013). Chloroplast DNA replication is regulated by the redox state independently of chloroplast division in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol* 161, 2102-2112.

Miyagishima, S., Suzuki, K., Okazaki, K., and Kabeya, Y. (2012). Expression of the nucleus-encoded chloroplast division genes and proteins regulated by the algal cell cycle. *Mol Biol Evol* 29, 2957-2970.

Division of Symbiosis and Cell Evolution 共生細胞進化研究部門

Miyagishima Group 宮城島研究室



MIYAGISHIMA, Shin-ya
Professor
宮城島進也 教授



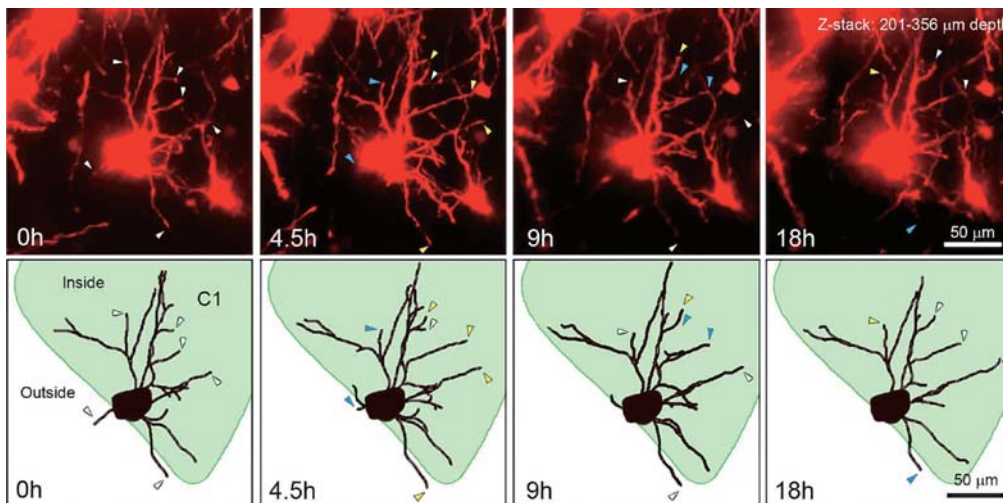
FUJIWARA, Takayuki
Assistant Professor
藤原崇之 助教

https://www.nig.ac.jp/labs/SyCelEvo/Index_e.html



Neuronal circuit development and function in the mouse brain

マウスを用いた脳神経回路発達の分子から個体までの統合的解析



新生児の脳の中で神経回路が発達する過程を、二光子顕微鏡を用いて直接観察することに成功した。マウス大脳皮質の中の単一の神経細胞を明るく蛍光標識（赤色）し、生後5日目、4.5、9、18時間後の時点でイメージングしたところ、樹状突起の枝が激しく伸縮しながら、正しい結合相手の軸索（緑色）に向かって広がっていく様子が観察された。

A process of neuronal circuit development in the neonatal brain was observed using two-photon microscopy. Dendrites of cortical neurons (red) were highly motile and expanded towards proper presynaptic targets (thalamocortical axons: green). Images of a single neuron in the mouse somatosensory cortex at 0h, 4.5h, 9h and 18h after postnatal day 5 are shown.

哺乳類の脳は高度な情報処理能力をもっていますが、その基盤となるのは、精密に構築された複雑な神経回路です。その発達の仕組みを理解するためには、分子から動物個体までの統合的な研究が必要不可欠です。本研究室では、分子生物学、マウス遺伝学を基盤とし、*in vivo*での遺伝子操作や2光子顕微鏡イメージングなど多角的なアプローチによって、哺乳類の神経回路が発達し機能する仕組みを明らかにすることを目指しています。特に、外界からの刺激の影響を強く受ける子どもの時期の回路発達（神経活動依存的回路発達）に興味を持っています。

To understand development of complex yet sophisticated neuronal circuits underlying higher brain function of mammals, integrative studies which cover from molecules to whole animals are indispensable. By using a wide range of techniques, such as mouse genetics (gene knockout), 2-photon microscopy, confocal microscopy, histology and behavioral analyses, we are studying mechanisms of development and function of mammalian neuronal circuits. In particular, we are interested in activity-dependent circuit development during postnatal stages.

Selected Publications

Iwata, R., Matsukawa, H., Yasuda, K., Mizuno, H., Itohara, S., and Iwasato, T. (2015). Developmental RacGAP $\alpha 2$ -chimaerin signaling is a determinant of the morphological features of dendritic spines in adulthood. *J Neurosci* 35, 13728-13744.

Iwata, R., Ohi, K., Kobayashi, Y., Masuda, A., Iwama, M., Yasuda, Y., Yamamori, H., Tanaka, M., Hashimoto, R., Itohara, S., and Iwasato, T. (2014). RacGAP $\alpha 2$ -chimaerin function in development adjusts cognitive ability in adulthood. *Cell Rep* 8, 1257-1264.

Mizuno, H., Luo, W., Tarusawa, E., Saito, Y.M., Sato, T., Yoshimura, Y., Itohara, S., and Iwasato, T. (2014). NMDAR-regulated dynamics of layer 4 neuronal dendrites during thalamocortical reorganization in neonates. *Neuron* 82, 365-379.

Division of Neurogenetics 形質遺伝研究部門

Iwasato Group 岩里研究室



IWASATO, Takuji
Professor
岩里琢治 教授



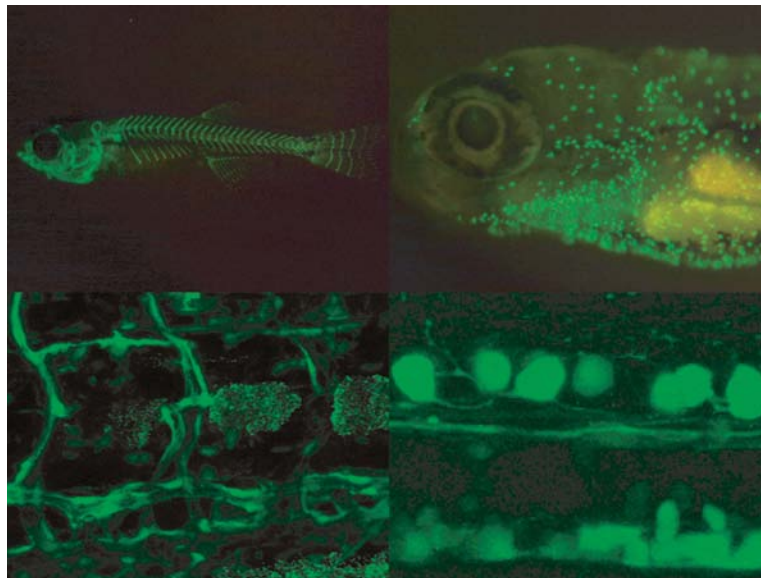
MIZUNO, Hidenobu
Assistant Professor
水野秀信 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/NeurGen/>



The genetic basis of development and behaviors in zebrafish

ゼブラフィッシュを用いた高次生命現象の遺伝学的解析



遺伝子トラップ・エンハンサートラップ法による細胞・組織・器官特異的GFP発現。(左上) 骨格、(右上) 表皮上の細胞、(左下) 血管、(右下) 感覚神経。

GFP expression in specific cells, tissues and organs by gene trapping and enhancer trapping. (upper, left) skeleton, (upper, right) cells on the skin, (lower, left) blood vessels, (lower, right) sensory neurons.

私たちはゼブラフィッシュを用いて、世界で初めて高効率なトランスポゾン転移システムを開発し、それを用いて、遺伝子導入動物作製法、遺伝子ノエンハンサートラップ法、Gal4-UAS法を開発してきました。これらの方法を駆使して世界最大規模のトランスジェニックフィッシュリソースを構築し、特定の細胞や器官の可視化や機能操作を実現させました。これらの研究リソースを用いて世界中の研究者と共同研究を展開するほか、行動・学習・記憶に重要な神経回路の可視化、機能阻害、神経活動のイメージングなどを通じて脳機能の解明を目指しています。

We developed the highly efficient transposon transposition system in zebrafish, and developed powerful genetic methods, including the transgenesis, gene trap, enhancer trap, Gal4-UAS methods. By using these methods, we created a large number of transgenic fish lines that express the yeast Gal4 transcription activator in specific cells, tissues and organs for the applications in developmental biology and neuroscience. We are studying the structure and function of specific neuronal circuits that regulate locomotion, learning and memory. Also, we visualize neuronal activity during behavior by calcium imaging to identify functional neuronal circuits.

Selected Publications

Wada, H., Iwasaki, M., and Kawakami, K. (2014). Development of the lateral line canal system through a bone remodeling process in zebrafish. *Dev Biol* 392, 1-14.

Muto, A., Ohkura, M., Abe, G., Nakai, J., and Kawakami, K. (2013). Real-time visualization of neuronal activity during perception. *Curr Biol* 23, 307-311.

Asakawa, K., Abe, G., and Kawakami, K. (2013). Cellular dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. *Front Neural Circuits* 7, 100.

Division of Molecular and Developmental Biology 初期発生研究部門

<http://kawakami.lab.nig.ac.jp/>

Kawakami Group 川上研究室



KAWAKAMI, Koichi
Professor
川上浩一 教授



ASAKAWA, Kazuhide
Assistant Professor
浅川和秀 助教

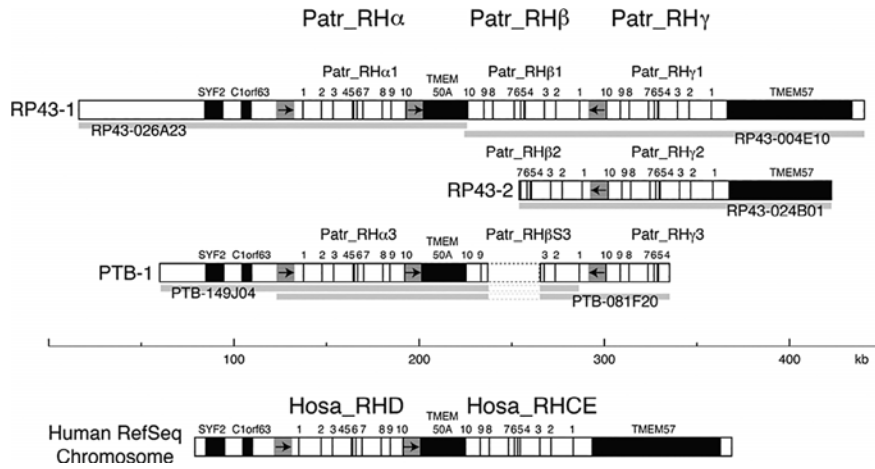


MUTO, Akira
Assistant Professor
武藤 彩 助教



Evolution of organisms at genomic level

ゲノムレベルにおける生物進化



チンパンジー (Patr) とヒト (Hosa) におけるRh式血液型遺伝子群の染色体位置。Kitano, Kim, Blancher, and Saitou (2016; Genome Biol. Evol., advance access) より。

Chromosomal positions of chimpanzee (Patr) and human (Hosa) Rh blood group gene group. From Kitano, Kim, Blancher, and Saitou (2016; Genome Biol. Evol., advance access).

生物の進化をゲノムレベルでコンピュータ解析と実験の両面から研究しています。特に現代人の進化とヒトにいたる霊長類と哺乳類の進化に焦点をあてています。研究の興味としては、(1) 古代DNA解析をふくめた、さまざまな人類集団、特に日本列島人のゲノム規模データの解析、(2) ヒト科、哺乳類、脊椎動物、植物などにおいて各系統で進化的に保存された非コード領域の解析、(3) ゲノム進化学研究に有用な解析法の開発、などがあります。

We study evolution of organisms at the genomic levels through computer analyses and wet experiments. We are particularly interested in evolution of modern humans and primate and mammalian evolution toward human. Research interests include (1) genome-wide data analysis of modern humans with special reference to those in Japanese Archipelago including ancient DNA analysis, (2) lineage-specific evolutionary changes at different levels of organism groups such as Hominidae, primates, mammals, vertebrates, and plants, (3) development of methods useful for evolutionary genomic studies, and others.

Selected Publications

Jinam, T.A., Kanzawa-Kiriyama, H., Inoue, I., Tokunaga, K., Omoto, K., and Saitou, N. (2015). Unique characteristics of the Ainu population in northern Japan. *J Hum Genet* 60, 565-571.

Jinam, T.A., Kanzawa-Kiriyama, H., and Saitou, N. (2015). Human genetic diversity in the Japanese Archipelago: dual structure and beyond. *Genes Genet Syst* 90, 147-152.

Osada, N., Hettiarachchi, N., Babarinde, I., Saitou, N., and Blancher, A. (2015). Whole-Genome Sequencing of Six Mauritian Cynomolgus Macaques (*Macaca fascicularis*) Reveals a Genome-Wide Pattern of Polymorphisms under Extreme Population Bottleneck. *Genome Biol Evol* 7, 821-830.

Division of Population Genetics 集団遺伝研究部門

<http://www.saitou-naruya-laboratory.org>

Saitou Group 斎藤研究室



SAITOU, Naruya
Professor
斎藤成也 教授

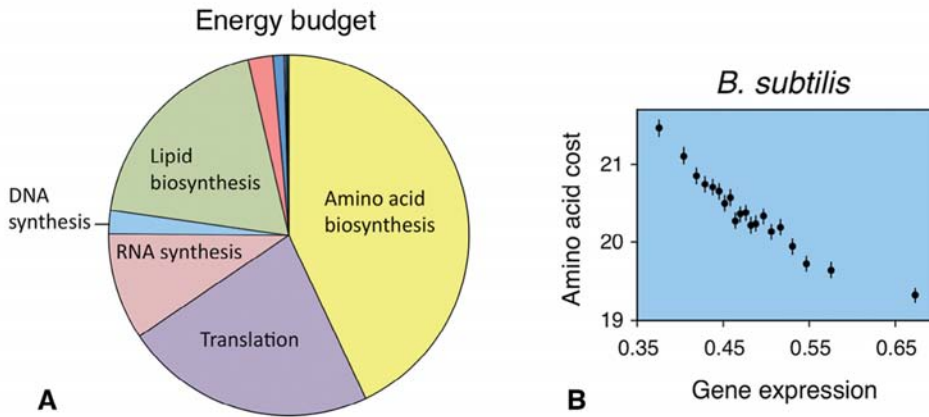


JINAM, Timothy A.
Assistant Professor
ジナム ティモシー A. 助教



Population genetics and genome evolution

集団遺伝とゲノム進化



A) バクテリアでの生合成にかかるエネルギーの割合。バクテリアの細胞では約75%のエネルギーがタンパク質合成に使われています (Neidhardt et al. 1990)。B) エネルギーコストに関わるタンパク質の進化。枯草菌のゲノムを見ると、量の多いタンパク質はコストの安いアミノ酸を使って合成されていることが分かります。

Metabolic economics and microbial proteome evolution. A) Chemical energy allocations for biosynthesis of a bacterial cell. About 75% of the budget is used for protein synthesis. Based on data from E. coli (Neidhardt et al. 1990). B) Protein adaptation for energetic efficiency. In *Bacillus subtilis*, abundant proteins employ less energetically costly amino acids.

本研究室では、ゲノム進化のメカニズムを解明するために、理論と実験を組み合わせた研究を行っています。現在の研究テーマは以下のようなものです。

- 1) キイロショウジョウバエの近縁種間でみられる、系統特異的なゲノム進化パターンとそれを引き起こした要因の解明。
- 2) ゲノム進化に関する理論的研究。特にコンピューターシミュレーションを用いた、ゲノム進化に影響を与えた要因を統計的に検出する方法の開発。
- 3) 生合成における制約やその効率にかかる自然選択が、ゲノムおよびタンパク質の進化に与える影響の解明。

We combine theoretical and laboratory studies to study mechanisms of genome evolution. Current interests include:

- 1) lineage-specific genome evolution: we are trying to understand why nucleotide and amino acid composition vary strongly among closely related *Drosophila*.
- 2) Modeling evolutionary processes: we employ computer simulations of weak selection and fitness interactions among mutations to determine statistical methods to detect subtle evolutionary forces.
- 3) Phenotypic bases of weak selection: biosynthetic constraints or selection for efficient synthesis may be important global factors in genome and proteome evolution.

Selected Publications

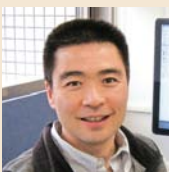
Matsumoto, T., John, A., Baeza-Centurion, P., Li, B., and Akashi, H. (2016). Codon usage selection can bias estimation of the fraction of adaptive amino acid fixations. *Mol Biol Evol*, in press.

Akashi, H., Osada, N., and Ohta, T. (2012). Weak selection and protein evolution. *Genetics* 192, 15-31.

Osada, N., and Akashi, H. (2012). Mitochondrial-Nuclear Interactions and Accelerated Compensatory Evolution: Evidence from the Primate Cytochrome c Oxidase Complex. *Mol Biol Evol* 29, 337-346.

Division of Evolutionary Genetics 進化遺伝研究部門

Akashi Group 明石研究室



AKASHI, Hiroshi
Professor
明石 裕 教授



MATSUMOTO, Tomotaka
Assistant Professor
松本知高 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/EvoGen/index.html>



Genetics of adaptive radiation

適応放散の遺伝機構



地道なフィールド調査と飼育室内での実験によって、野外生物にみられる行動や生理や形態の変異を解析します。ついで、古典的な遺伝的手法や最新のゲノミクス技術などを援用し、遺伝基盤や候補遺伝子を解明していきます。また、遺伝子操作法による分子機能解析に加え、ピオトープ池を用いたマイクロ生態系での生態実験を用いて分子から生態までをつないでいきます。

Our research takes an integrative approach across diverse disciplines. The first step is to conduct a detailed ecological survey of natural variation among stickleback populations collected from diverse environments. Next, we use genetic and genomic tools to study the genetic architecture of ecologically important phenotypic traits and also identify candidate genes responsible for adaptation and speciation. Then, we use transgenic and knockout approaches to study the detailed molecular and physiological functions of these candidate genes *in vivo*. Furthermore, we plan to use semi-natural ponds to get insight into how different alleles behave within natural populations.

どうやって新たな種が生まれるのか。生き物がどのようにして多様な環境に適応していくのか。生物多様性進化を巡るこれらの問いに対して、トゲウオやメダカを用いながら迫ります。表現型変化に関わる遺伝子は、実験モデル生物において多く同定されてきましたが、野外生物における種分化や適応進化の分子機構は多くが未解明です。また、原因対立遺伝子が野外集団内でどのように広まっていくのかについても多くが未解明です。これらを解明するために、フィールド調査から始まり、ゲノミクスや遺伝子工学、生態実験などを統合的に用います。

Our research goal is to understand the molecular mechanisms underlying the evolution of biodiversity. Although many genes important for animal development and behavior have been identified in model organisms, little is known about the molecular mechanisms underlying naturally occurring phenotypic variation important for adaptation and speciation in wild populations. Furthermore, little is known about how newly evolved alleles important for adaptation and speciation spread within natural populations. To understand these ecological and genetic mechanisms, we mainly use stickleback fishes as a model. Our research takes an integrative approach across diverse disciplines.

Selected Publications

Yoshida, K., Makino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hasebe, M., Kawata, M., Kume, M., Mori, S., L. Peichel, C.L., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Kitano, J. (2014). Sex chromosome turnover contributes to genomic divergence between incipient stickleback species. *PLoS Genet* 10, e1004223.

Ishikawa, A., Takeuchi, N., Kusakabe, M., Kume, M., Mori, S., Takahashi, H., and Kitano, J. (2013). Speciation in ninespine sticklebacks: reproductive isolation and phenotypic divergence among cryptic species of Japanese ninespine stickleback. *J Evol Biol* 26, 1417-1430.

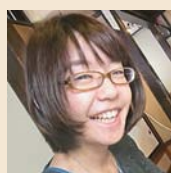
Yoshida, K., and Kitano, J. (2012). The contribution of female meiotic drive to the evolution of neosex chromosomes. *Evolution* 66, 3198-3208.

Division of Ecological Genetics 生態遺伝学研究部門

Kitano Group 北野研究室

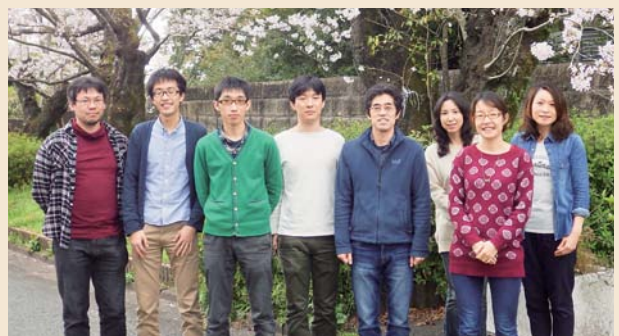


KITANO, Jun
Professor
北野 潤 教授



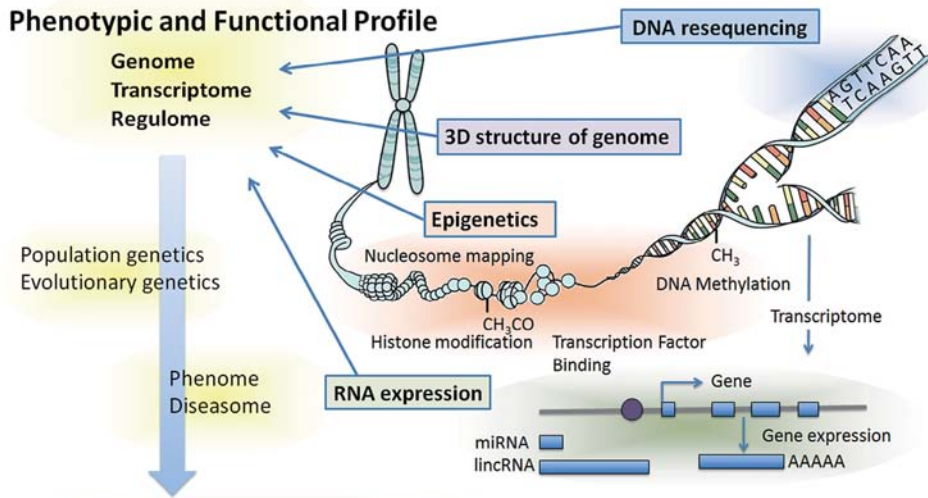
ISHIKAWA, Asano
Assistant Professor
石川麻乃 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/EcoGene/>



Genomic medicine with next generation sequencing technology

次世代シーケンサーを駆使したゲノム医学研究



What is the disease mechanism?

疾患メカニズムの解明にはゲノム配列だけでなく、遺伝子を含む全ての転写産物とそれらを制御する領域および因子を合わせて理解する必要があります。次世代シーケンサーを使ったこれらの解析により、疾患メカニズムを明らかにすることを目指しています。

The basic unit of heredity as disease causality might well be the regulatory region and not only the gene. The integrated functional properties based on a Next generation sequencer will open the way to understand the disease mechanisms.

本研究室では、次世代シーケンサーで得られる膨大な塩基配列情報を医学研究に活用し、ヒト疾患の理解、治療法の開発に寄与することを目指しています。疾患ゲノム研究は原因となっている遺伝子変異、多型を検出することを当初の目標としていますが、病変組織における遺伝子発現プロファイル、ネットワーク解析を組み合わせることで、疾患メカニズム理解につながる研究も推進します。また多因子疾患における疾患感受性遺伝子は進化的な意義を有することが多く、集団遺伝学的な検討も試みています。

Our research goal is to elucidate disease causalities and their patho-etologies, and ultimately to develop therapeutic tool. With the advent of next generation sequencing technologies, it becomes very handy to identify causalities of monogenic diseases as well as complex diseases. With the vast of genomic information at hand, we will combine gene expression profiles of the responsible tissues together with clinical information to understand the global picture of diseases.

Selected Publications

Nakaoka, H., Gurumurthy, A., Hayano, T., Ahmadloo, S., Omer, W.H., Yoshihara, K., Yamamoto, A., Kurose K., Enomoto, T., Akira, S., Hosomichi, K., and Inoue, I. (2016). Allelic imbalance in regulation of *ANRIL* through chromatin interaction at 9p21 endometriosis risk locus. *PLoS Genet* 12, e1005893.

Tamura, R., Yoshihara, K., Yamawaki, K., Suda, K., Ishiguro, T., Adachi, S., Okuda, S., Inoue, I., Verhaak, R.G., and Enomoto, T. (2015). Novel kinase transcripts found in endometrial cancer. *Sci Rep* 5, 18657.

Yu, W., Zheng, H., Lin, W., Tajima, A., Zhang, Y., Zhang, X., Zhang, H., Wu, J., Han, D., Rahman, N.A., Korach, K.S., Gao G, F., Inoue, I., and Li, X. (2014). Estrogen promotes Leydig cell engulfment by macrophages in male infertility. *J Clin Invest* 124, 2709-2721.

Division of Human Genetics 人類遺伝研究部門

<http://humgen.lab.nig.ac.jp/>

Inoue Group 井ノ上研究室



INOUE, Ituro
Professor
井ノ上逸朗 教授

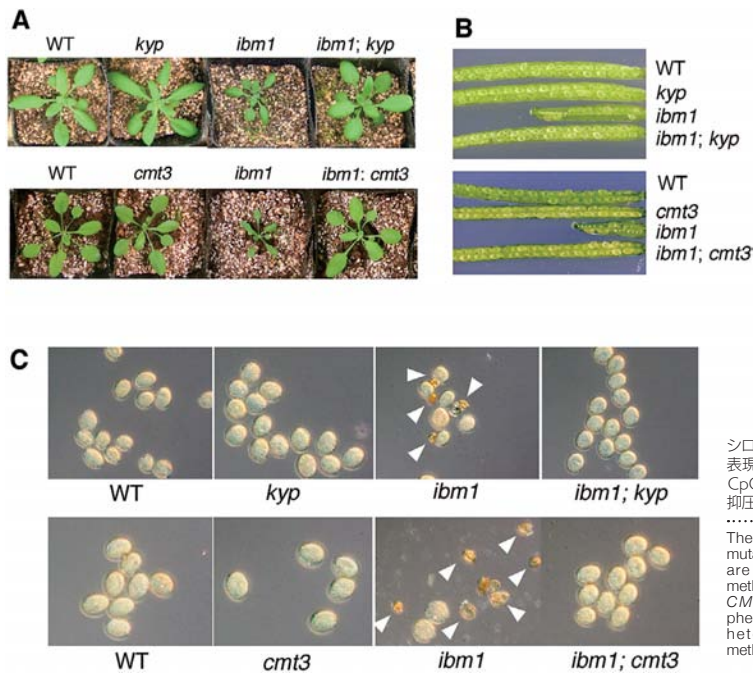


NAKAOKA, Hirofumi
Assistant Professor
中岡博史 助教



Genetics of epigenetics

エピジェネティクスの遺伝学



シロイヌナズナの *ibm1* 突然変異による発生異常表現型は、H3K9 メチル化酵素遺伝子 *KYP* や非 CpG メチル化酵素遺伝子 *CMT3* の突然変異で抑制される。

The *ibm1* (increase in *BONSAI* methylation) mutation induces developmental defects, which are suppressed by mutation in the H3K9 methylase gene *KYP* or non-CG methylase gene *CMT3*. The results suggest that these phenotypes are due to ectopic deposition of heterochromatin marks, such as H3K9 methylation and non-CG methylation.

細胞分裂後に継承される遺伝情報の実体は塩基配列です。一方、塩基配列以外の形で、遺伝子の ON / OFF 情報が娘細胞に伝わる現象が多く、生物で観察されます。このような「エピジェネティック」な現象の実体は、DNA のメチル化などのクロマチンの修飾であることがわかってきています。私達は、シロイヌナズナのゲノム DNA のメチル化を制御する因子の変異体を用いたアプローチで、ゲノム進化や個体発生におけるエピジェネティックな制御の役割とその機構について研究しています。

To understand control and function of DNA methylation, we are taking genetic approaches using mutants of *Arabidopsis*. An *Arabidopsis* protein DDM1 (decrease in DNA methylation) is necessary for methylating transposons and repeats. On the other hand, IBM1 (increase in *BONSAI* methylation) is necessary for not methylating genes. In mutants of genes encoding these proteins, several types of developmental abnormalities were induced. Characterization of these abnormalities is revealing impact of DNA methylation on genome evolution and appropriate gene expression.

Selected Publications

Tsukahara, S., Kawabe, A., Kobayashi, A., Ito, T., Aizu, T., Shin-I, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Tarutani, Y., and Kakutani, T. (2012). Centromere-targeted de novo integrations of an LTR retrotransposon of *Arabidopsis lyrata*. *Genes Dev* 26, 705-713.

Tsukahara, S., Kobayashi, A., Kawabe, A., Mathieu, O., Miura, A., and Kakutani, T. (2009). Bursts of retrotransposition reproduced in *Arabidopsis*. *Nature* 303, 423-426.

Inagaki, S., Miura-Kamio, A., Nakamura, Y., Lu, F., Cao, X., Kimura, H., Saze, H., and Kakutani, T. (2010). Autocatalytic differentiation of epigenetic modifications within the *Arabidopsis* genome. *EMBO J* 29, 3496-3506.

Division of Agricultural Genetics 育種遺伝研究部門

<https://www.nig.ac.jp/labs/AgrGen/home-j.html>

Kakutani Group 角谷研究室



KAKUTANI, Tetsuji
Professor
角谷徹仁 教授



TARUTANI, Yoshiaki
Assistant Professor
樽谷芳明 助教

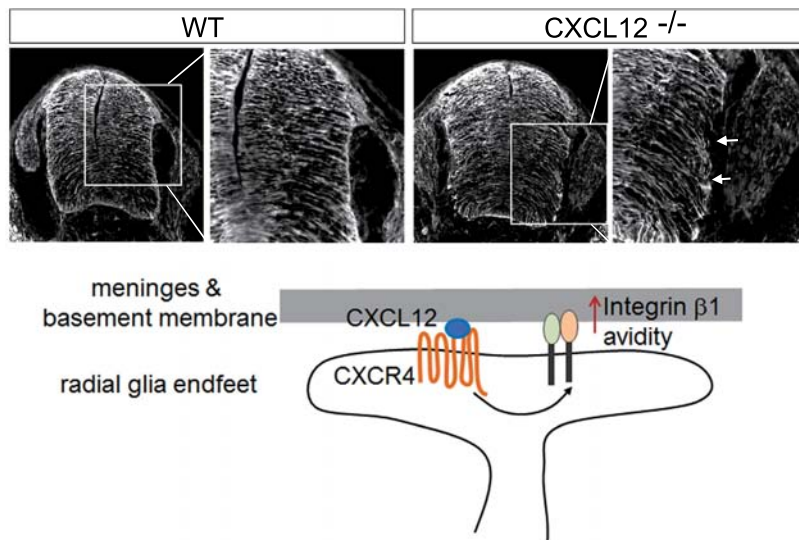


INAGAKI, Soichi
Assistant Professor
稲垣宗一 助教



Approaching brain function through studying development of nervous systems

神経発生から眺める脳機能



上：CXCL12変異マウスの脊髄では、放射状に伸びたradial gliaの突起が軟膜面にきちんと接着せず、ギャップが生じる（矢印）。下：軟膜細胞から放出されるCXCL12は、radial gliaの発現する受容体CXCR4にシグナルを送り、軟膜基底膜とradial glia突起終末との強靱なインテグリン接着を可能にする。

Top: The radial glial scaffold is disrupted in CXCL12 knockout mouse with gaps in the pial endfeet layer (arrows) and stunted radial processes. Bottom: a model proposing that CXCL12 (from the meninges) signalling via its receptor CXCR4 (in radial glia) strengthens integrin adhesion to the basement membrane which in turn maintains radial glial scaffold integrity.

脳は膨大な数の神経細胞が織りなす回路です。遺伝子に記された発生プログラムに従って、神経細胞が生まれ、移動し、軸索を伸長して、標的細胞と配線されて作られます。この配線パターンが、動物の行動や思考といった脳機能の特徴を決めています。経験や学習によって柔軟に変化できる脳ですが、実のところ、いったん作られた配線のほとんどは固定されており、書き換え不能です。当研究室では、発生期につくられる神経回路の配線のルールを理解する事で、脳の頑固な部分に迫りたいと考えています。

The brain circuitry is made up of an enormous number of neurons. It is constructed by sequential developmental steps, involving neuronal differentiation, migration, axon guidance, and synaptogenesis. The resulting wiring patterns determine the characteristics of animals' behavior and mental activities. Although the brain maintains a certain degree of plasticity, the core element is almost fixed and non-rewireable after the completion. We focus on this rigid feature of the brain by attempting to reveal the rules of neural development and to understand how the wiring design shapes brain function.

Selected Publications

Zhu, Y., Matsumoto, T., Nagasawa, T., Mackay, F., and Murakami, F. (2015). Chemokine signalling controls integrity of radial glial scaffold in developing spinal cord and consequential proper position of boundary cap cells. *J Neurosci* 35, 9211-9224.

Mita, S., de Monasterio-Schrader, P., Fünfschilling, U., Kawasaki, T., Mizuno, H., Iwasato, T., Nave, K.A., Werner, H.B., and Hirata, T. (2015). Transcallosal Projections Require Glycoprotein M6-Dependent Neurite Growth and Guidance. *Cereb Cortex* 25, 4111-4125.

Suzuki, K., and Hirata, T. (2014). A common developmental plan for neocortical geneexpressing neurons in the pallium of the domestic chicken *Gallus gallus domesticus* and the Chinese softshell turtle *Pelodiscus sinensis*. *Front Neuroanat* 8, 20.

Division of Brain Function 脳機能研究部門

Hirata Group 平田研究室



HIRATA, Tatsumi
Professor
平田たつみ 教授



KAWASAKI, Takahiko
Assistant Professor
川崎能彦 助教



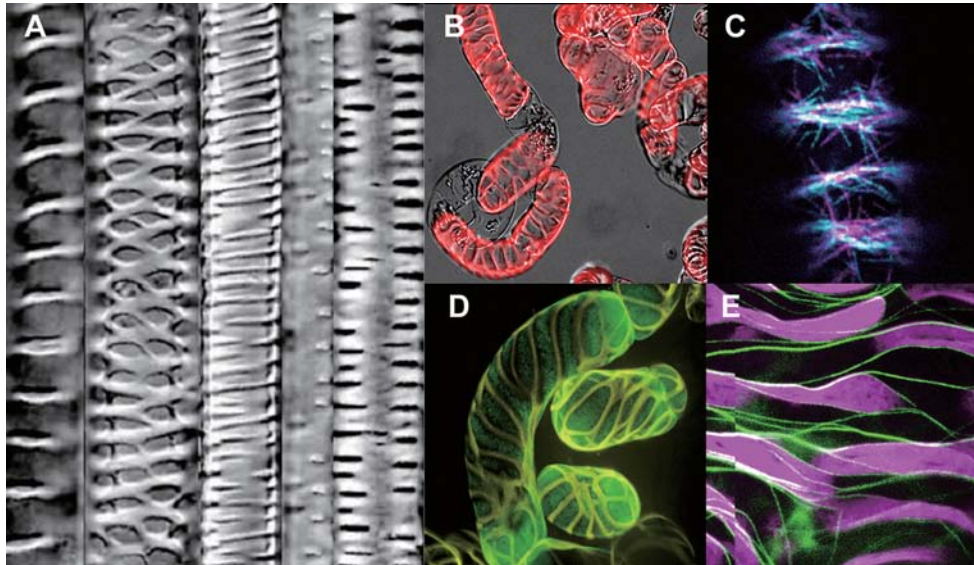
ZHU, Yan
Assistant Professor
トウー ヤン 助教

https://www.nig.ac.jp/labs/Brain/new/j/hirata_lab_j/toppu.html



Molecular basis of plant cell morphogenesis

植物細胞の形態形成:空間を制御する分子システムの理解



A) 木部道管の様々な二次細胞壁/パターン。B) 木部道管分化誘導系。二次細胞壁 (赤) の沈着が認められる。C) 二次細胞壁の沈着を誘導する微細管。D) Rho GTPase が活性化 (緑) し、二次細胞壁 (黄) の沈着を阻害している。E) 細胞壁/パターンの再構築。Rho GTPase (紫) が細胞膜ドメインを形成し、微細管 (緑) と相互作用している。

(A) Xylem vessels develop various secondary cell wall patterns. (B) Xylogenesis in Arabidopsis cultured cells. Red signals indicate secondary cell walls. (C) Cortical microtubules in the differentiating xylem cell. (D) Secondary cell walls (yellow) and plasma membrane domains (green). (E) Reconstruction assay for secondary cell wall patterns. Magenta: plasma membrane domains. Green: microtubules.

多細胞生物の発生は個々の細胞が適切な形態と機能を獲得することによって成し遂げられます。植物細胞は堅い細胞壁に覆われており、この細胞壁の沈着パターンを変化させることにより様々な細胞を作り出しています。私たちの研究室では、螺旋、網目、孔紋などのパターンに従って二次細胞壁を形成する木部道管に着目し、植物細胞が空間的なパターンを創り出す仕組みを研究しています。独自に開発した木部道管分化誘導系と細胞壁/パターンの再構築実験系を用い、主に細胞骨格とRho GTPaseの動きを調べています。

A specifically patterned cell wall is a determinant of plant cell shape. However, the precise mechanism underlying the cell wall patterning is still elusive. The main purpose of our study is to reveal how plant cells establish proper cell wall patterns. We focus on xylem vessel cells that deposit secondary cell walls in various patterns such as spiral, reticulate, and pitted patterns. By using our xylogenesis cell culture system and pattern reconstruction assay, we have revealed that cortical cytoskeletons and Rho GTPases play a central role in the secondary cell wall patterning.

Selected Publications

Oda, Y., and Fukuda, H. (2013). Rho of plant GTPase signaling regulates the behavior of Arabidopsis kinesin-13A to establish secondary cell wall patterns. *Plant Cell* 25, 4439-4450.

Oda, Y., Iida, Y., Kondo, Y., and Fukuda, H. (2010). Wood cell-wall structure requires local 2D-microtubule disassembly by a novel plasma membrane-anchored protein. *Current Biology* 20, 1197-1202.

Oda, Y., and Fukuda, H. (2012). Initiation of cell wall pattern by a Rho- and microtubule-driven symmetry breaking. *Science* 337, 1333-1336.

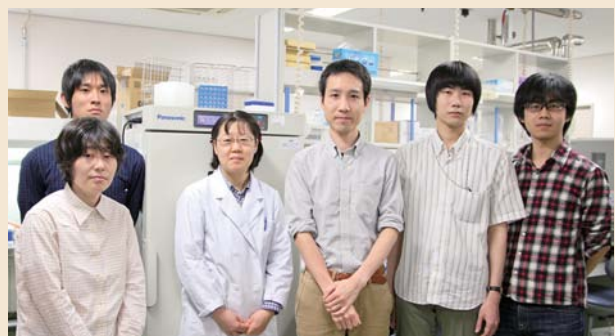
Cell Dynamics and Organization Laboratory 細胞空間制御研究室

<https://www.nig.ac.jp/labs/CellDyna/index.html>

Oda Group 小田研究室

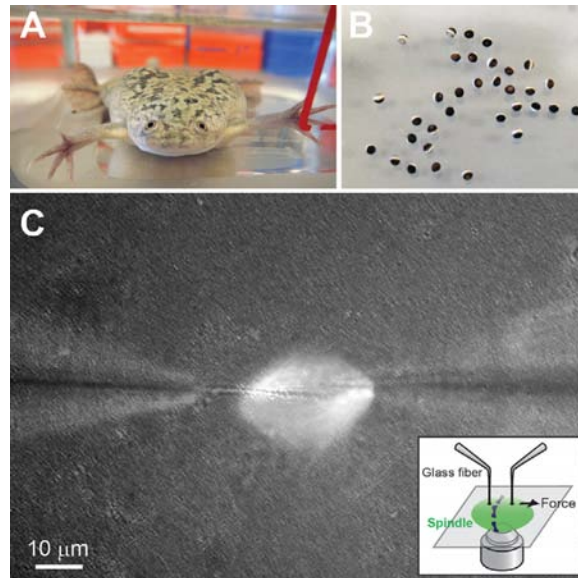


ODA, Yoshihisa
Associate Professor
小田祥久 准教授



Cellular mechanochemistry regulating eukaryotic chromosome dynamics

真核生物の染色体動態を制御する細胞のメカノケミストリー



(A) モデル生物として主に用いているアフリカツメガエル。メスの卵 (B) から調製される細胞質抽出液を用いて紡錘体や細胞核を *in vitro* 再構成し、顕微鏡下で直接力学操作することができる。(C) の写真は、抽出液内で形成した分裂中期紡錘体 (写真中央) に2本の微小ガラスファイバーを用いて力の刺激を与えているところ。挿絵はその模式図。

(A) *Xenopus laevis*, our primary model organism. Eggs from female frogs (B) are used to prepare cytoplasmic extracts, in which the spindle apparatus and the cell nucleus can be *in vitro* assembled and micromanipulated. Image in (C) shows a metaphase spindle assembled in extracts and visualized by fluorescently labeled tubulin. A pair of glass microfibers can be used to apply mechanical force. Inset illustrates the geometry of the set-up

細胞がメカニカルな力を感じて応答する能力は、細胞分裂や分化を初めとするさまざまな生命プロセスにとって必要不可欠です。私たちの研究室では、レーザーピンセットやガラスファイバーを用いたマイクロマニピュレーション技術と高解像度の蛍光イメージング手法を用いて、遺伝子動態制御の中核を担う紡錘体や細胞核がどのような物理化学特性を備えているかを調べています。それらのメカニクスと分子反応ケミストリーの関係を定量的に明らかにすることを通して、細胞が規定された機械シグナルに適切に応答するためにどのように構造化されているかを理解し、最終的にはその知識を使って細胞の挙動を任意に制御することを目指して研究しています。

The cell's ability to sense and respond to mechanical force is crucial to many biological processes, including cell division and differentiation. Our laboratory uses novel biophysical methods which combine controlled micromanipulation techniques (e.g., laser tweezers, glass microfibers) and high-resolution fluorescence microscopy (e.g., confocal and TIRF imaging) to characterize physicochemical nature of the mitotic spindle and the cell nucleus. Thorough quantitative analyses of their micromechanics and molecular biochemistry, we aim to understand the principles of how cells are structured to respond to defined mechanical cues and aim ultimately to use the knowledge to control cellular behavior.

Selected Publications

Shimamoto, Y., Forth, S., and Kapoor, T.M. (2015). Measuring pushing and braking forces generated by ensembles of kinesin-5 crosslinking two microtubules. *Dev Cell* 34, 669-681.

Takagi, J., Itabashi, T., Suzuki, K., Kapoor, T.M., Shimamoto, Y., and Ishiwata, S. (2013). Using micromanipulation to analyze control of vertebrate meiotic spindle size. *Cell Rep* 5, 44-50.

Shimamoto, Y., Maeda, Y.T., Ishiwata, S., Libchaber, A.J., and Kapoor, T.M. (2011). Insights into the micromechanical properties of the metaphase spindle. *Cell* 145, 1062-1074.

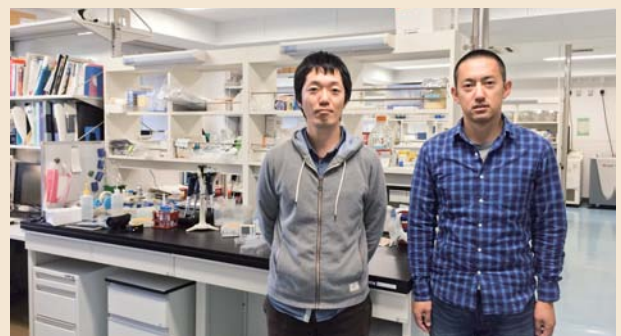
Quantitative Mechanobiology Laboratory 定量メカノバイオロジー研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/shimamoto>

Shimamoto Group 島本研究室

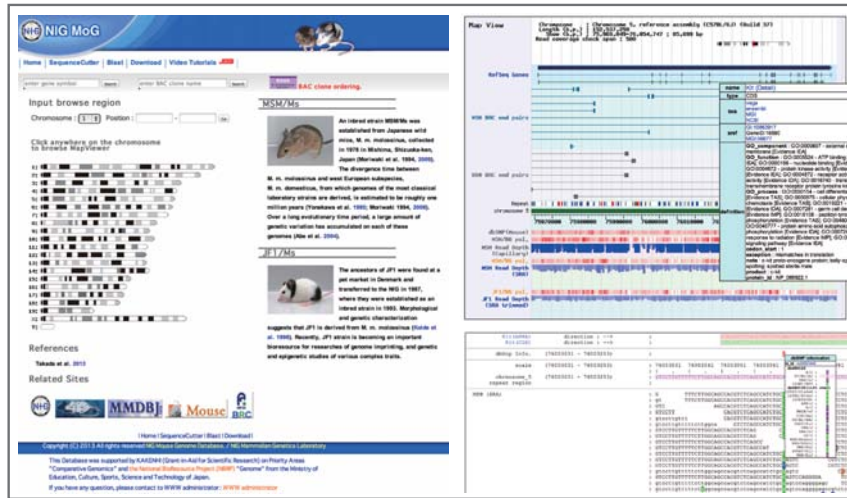


SHIMAMOTO, Yuta
Associate Professor
島本勇太 准教授



Integrative genetics of mouse complex traits

マウス高次形質の統合的遺伝解析



実験研究者にやさしい「NIG マウスゲノムデータベース」。NIG_MoGは、マウスの標準ゲノム配列 (C57BL/6J) と、日本産モロシヌス亜種由来系統であるMSM/Ms及びJF1/Msの全ゲノム情報を比較して検出されるゲノム多型情報を検索するためのナビゲーションシステムです。モロシヌス由来系統と汎用近交系統の交配系によって遺伝解析を行う際には、NIG_MoGを利用することで各種ゲノム多型情報や解析ツールに迅速にアプローチすることができます。トップページ (左) と各種ゲノム比較情報 (右)。(高田ら、2015)。

The National Institute of Genetics Mouse Genome database (NIG_MoG; <http://molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/>) primarily comprises the whole-genome sequence data of two inbred mouse strains, MSM/Ms and JF1/Ms. NIG_MoG provides information of intersubspecific visualized genome polymorphism, browsing single-nucleotide polymorphisms and short insertions and deletions in the genomes of MSM/Ms and JF1/Ms for the reference genome of C57BL/6J. Top page of NIG_MoG (left) and browsed genome polymorphism data (right). (From Takada et al., 2015).

当研究室では、マウス近交系統や突然変異体の表現型に着目した“順遺伝学”と遺伝子改変マウスを用いた“逆遺伝学”の両方法論を駆使して、形態形成やエネルギー代謝などの高次生命現象を制御する遺伝メカニズムの統合的理解をめざしています。また、生物遺伝資源事業として、野生マウス由来系統を含めたゲノム多型情報や表現型情報の収集と整備を行うとともに、亜種間コンソミック系統など、マウス機能ゲノム学のためのバイオリソースの開発を進めています。

In order to understand genetic basis underlying complex traits, such as morphology and energy metabolism, we are conducting genetic analyses based upon both of “Forward Genetics” using existing mouse mutants and “Reverse Genetics” using genetically engineered mice. In parallel, we are also compiling information of the genome diversity of inbred mouse strains, and developing new inter-subspecific consomic strains, in which every chromosome of a classical inbred strain C57BL/6J is replaced by the counterpart of a wild mouse-derived MSM/Ms strain. These bioresources are freely available for research community.

Selected Publications

Takada, T., Yoshiki, A., Obata, Y., Yamazaki, Y., and Shiroishi, T. (2015). NIG_MoG: a mouse genome navigator for exploring intersubspecific genetic polymorphisms. *Mamm Genome* 26, 331-337.

Oka, A., Takada, T., Fujisawa, H., and Shiroishi, T. (2014). Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in mouse reproductive isolation. *PLoS Genet* 10, e1004301.

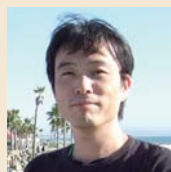
Takada, T., Ebata, T., Noguchi, H., Keane, T.M., Adams, D.J., Narita, T., Shin-I, T., Fujisawa, H., Toyoda, A., Abe, K., Obata, Y., Sakaki, Y., Moriwaki, K., Fujiyama, A., Kohara, Y., and Shiroishi, T. (2013). The ancestor of extant Japanese fancy mice contributed to the mosaic genomes of classical inbred strains. *Genome Res* 23, 1329-1338.

Mammalian Genetics Laboratory 哺乳動物遺伝研究室

Shiroishi Group 城石研究室



SHIROISHI, Toshihiko
Professor
城石俊彦 教授



TAKADA, Toyoyuki
Assistant Professor
高田豊行 助教



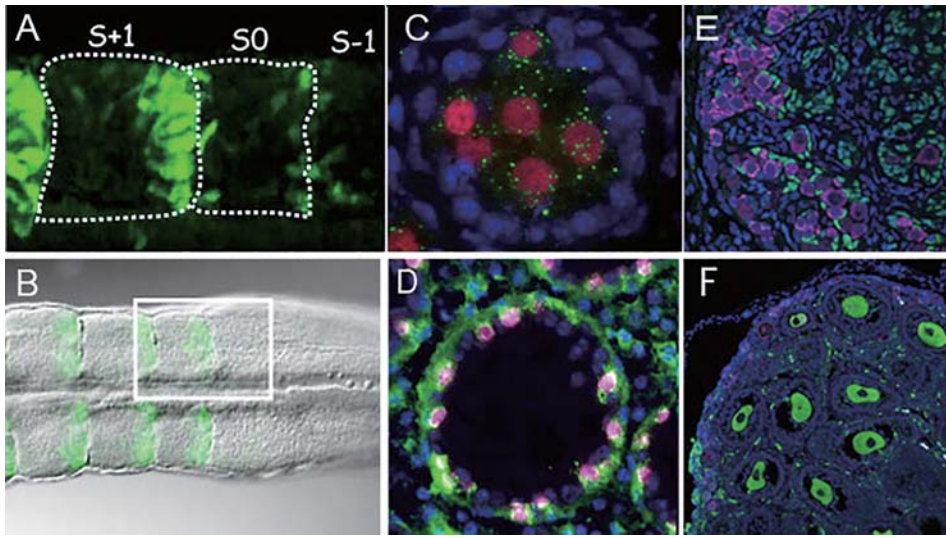
AMANO, Takanori
Assistant Professor
天野孝紀 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/MamMalg/home-j.html>



Developmental genetic studies using gene engineering technology in mice

マウス発生工学を用いた発生分化機構の解析



A-B. 体節におけるNotchシグナルの活性をGFPレポーターで可視化した。Notchシグナルは体節の後方部でのみ活性化。C. 胎生期の雄生殖細胞(赤)におけるNanos2タンパク質(緑)の局在。D. Nanos2を持続発現(緑)すると、分化した精子細胞は失われ、幹細胞(マゼンタ)が増加する。生後6週目の精細管。E. 生後直後の卵巣切片。生殖細胞(マゼンタ)は体細胞(緑)に囲まれたシストとして存在する。F. 生後12日目の卵巣切片。シストは崩壊して原始卵胞は活性化(緑)し卵子として成長する。原始卵胞活性化機構の解明を目指している。

(A-B) Notch signaling is activated only in the caudal part of each somite. (C) Nanos2 proteins (green) are localized in the P-bodies in cytoplasm of embryonic male germ cells (red). (D) A section of adult seminiferous tubule, in which Nanos2 (green) expression is maintained in the spermatogonial stem cell (magenta). Only stem cells remain, while sperm differentiation is suppressed. (E-F) Sections of ovaries at birthday (E) and 12 days after birth (F). We are interested in the mechanism of primordial follicle activation (green in F) after cyst (magenta in E) breakdown.

発生過程ではいろいろな遺伝子が時間的・空間的に正確な制御下で発現し、機能を発揮します。そのような遺伝子の機能及び発現調節機構を解明するためにはマウスを用いた個体レベルの解析は重要です。当研究室では発生工学的手法を用いて、中胚葉形成機構、生殖細胞の性決定機構、また精子形成、卵子形成を支配するRNA制御機構の解明を目指しています。最近ではクリスパーを用いた遺伝子改変技術を用いて、多くの有用マウスを作製し解析することにより、生体内における本来の遺伝子機能の解明を目指しています。

We aim to elucidate molecular mechanisms involved in several developmental processes. Major targets are mesoderm tissues and germ cell development; sexual fate decision, spermatogenesis and oogenesis. We like to understand mechanisms how germ cells chose two alternative pathways to form sperm or oocyte. For the functional analyses, we use Cas9-mediated gene editing technology to facilitate mutant mouse production.

Selected Publications

Suzuki, A., Niimi, Y., Shinmyozu, K., Zhou, Z., Kiso, M., and Saga, Y. (2016). Dead end1 is an essential partner of NANOS2 for selective binding of target RNAs in male germ cell development. *EMBO Rep* 17, 37-46.

Zhou, Z., Shirakawa, T., Ohbo, K., Sada, A., Wu, Q., Hasegawa, K., Saba, R., and Saga, Y. (2015). RNA Binding Protein Nanos2 Organizes Post-transcriptional Buffering System to Retain Primitive State of Mouse Spermatogonial Stem Cells. *Dev Cell* 34, 96-107.

Zhao, W., Ajima, R., Ninomiya, Y., and Saga, Y. (2015). Segmental border is defined by Ripply2-mediated Tbx6 repression independent of Mesp2. *Dev Biol* 400, 105-117.

Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室

Saga Group 相賀研究室



SAGA, Yumiko
Professor
相賀裕美子 教授



KATO, Yuzuru
Assistant Professor
加藤 譲 助教



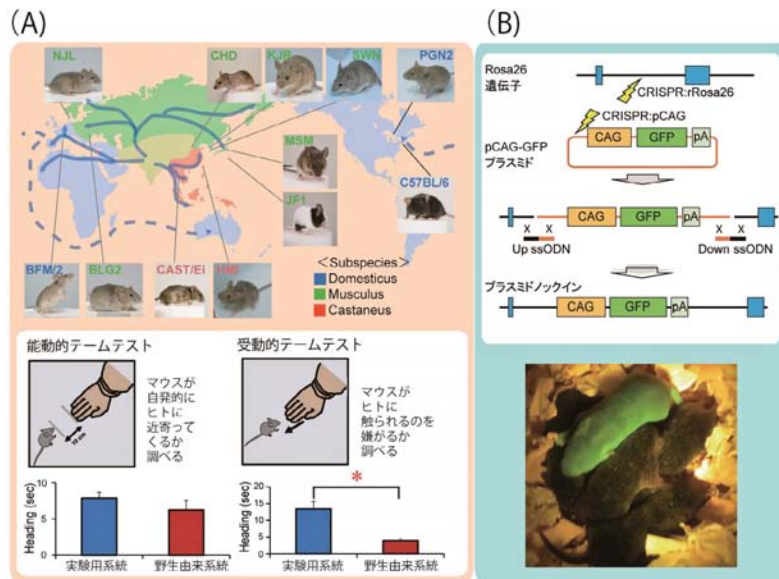
AJIMA, Rieko
Assistant Professor
安島理恵子 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/MamDev/home-j.html>



Behavioral genetics using wild-derived mouse strains

野生由来マウスを用いた行動遺伝学



(A) 世界各地の野生マウスから樹立された野生マウス系統群と、実験用マウス系統との行動の違い。野生マウスは実験用マウスに比べ、ヒトに触られるのを嫌がる。(B) ゲノム編集 CRISPR/Cas9 を用いた新規プラスミドノックイン動物作製方法、および本法で得られた GFP 陽性マウス。

(A) Notable strain differences of behavioral patterns between wild-derived and laboratory strains using a variety of behavioral studies. (B) Efficient genome editing technologies in rodents with CRISPR/Cas9.

生物の個体差をもたらす遺伝的機構の多くは未だ解明されていません。私たちは、世界各地から捕獲された野生由来マウス系統を用い、様々な行動の多様性を生み出すメカニズムの解明に取り組んでいます。野生由来の近交系統は、特徴的な行動を示し、顕著な系統差を示すことから、行動遺伝学研究に有用です。加えて、ゲノム編集技術を用いた効率的な遺伝子改変動物の開発にも取り組んでいます。これらを駆使することで、行動の多様性に関わる遺伝子を同定し、その機能を分子、細胞、更には神経レベルで明らかにすることを目指しています。

The genetic basis for individual differences in complex traits is still unclear. In order to clarify the mechanisms related to behavioral diversity, we are using a series of wild-derived mouse strains. Wild derived strains exhibit a prominent degree of wildness and phenotypic diversity among them. We are also developing efficient genome editing methodologies in rodents with CRISPR/Cas9. We are identifying genes related to behavioral diversity using these tools, and are aiming to understand the role of these genes in the molecular, cellular, and neural mechanisms that underlie this behavioral diversity.

Selected Publications

Yoshimi, K., Kunihiro, Y., Kaneko, T., Nagahora, H., Voigt, B., and Mashimo, T. (2016). ssODN-mediated knock-in with CRISPR-Cas for large genomic regions in zygotes. *Nat Commun* 7, 10431.

Takahashi, A., Lee, R.X., Iwasato, T., Itohara, S., Arima, H., Bettler, B., Miczek, K.A., and Koide, T. (2015). Glutamate input in the dorsal raphe nucleus as a determinant of escalated aggression in male mice. *J Neurosci* 35, 6452-6463.

Takahashi, A., Sugimoto, H., Kato, S., Shiroishi, T., and Koide, T. (2015). Mapping of genetic factors that elicit intermale aggressive behavior on mouse chromosome 15: intruder effects and the complex genetic basis. *PLoS One* 10, e0137764.

Mouse Genomics Resource Laboratory マウス開発研究室

Koide Group 小出研究室



KOIDE, Tsuyoshi
Associate Professor
小出 剛 准教授



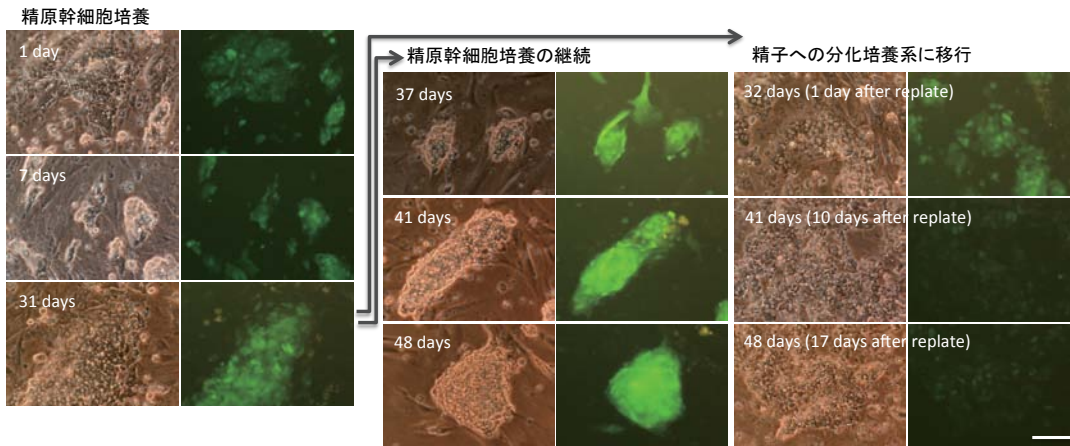
YOSHIMI, Kazuto
Assistant Professor
吉見一人 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/MGRL/index.html>



Analyses of regulatory mechanisms in zebrafish germ cells

ゼブラフィッシュを用いた生殖細胞制御機構の解析



精原幹細胞で緑色蛍光タンパクを発現する系統を用いた精原幹細胞-精子の細胞培養。精原幹細胞培養系では精原幹細胞が増殖するのに対して (左および中央パネル)、精子への分化培養系では精原幹細胞が機能的精子へと分化していく (右パネル)。
 Propagation and differentiation of spermatogonial stem cells (SSCs) in culture. SSCs that express green fluorescent protein grow in propagation culture (left and middle panels), while they differentiate into sperm in differentiation culture (the right panel).

精子形成は精原幹細胞の自己再生と分化によって維持され、分化した精原細胞は細胞架橋でつながったシスト分裂により増幅した後、減数分裂を経て機能的な精子へと分化します。こうした複雑な過程を制御する因子の解析に細胞培養系は有用な方法となります。私たちは、ゼブラフィッシュを用いて精原幹細胞の自己再生から機能的精子までの精子形成全過程を再現する細胞培養系を確立しました。Forward geneticsによる精子形成異常変異体を組み合わせて、脊椎動物に普遍的な精子形成の制御因子の解明を進めています。

Spermatogenesis is characterized by sequential transitions of multiple processes: self-renewal of spermatogonial stem cells, mitotic growth of differentiating spermatogonia, and meiosis leading to the production of sperm. Molecular dissection of these complex processes and transitions could be facilitated by cell culture approaches. We have developed techniques to recapitulate the entire spermatogenesis process, from stem cell propagation to differentiation of functional sperm, solely in culture. In addition, we have already isolated several ENU-induced zebrafish mutants that have a defect in spermatogenesis. We are working on the molecular mechanisms to regulate spermatogenesis of vertebrates both *in vivo* and *in vitro*.

Selected Publications

Kawasaki, T., Siegfried, K.R., and Sakai, N. (2016). Differentiation of zebrafish spermatogonial stem cells to functional sperm in culture. *Development* 143, 566-574.

Saito, K., Sakai, C., Kawasaki, T., and Sakai, N. (2014). Telomere distribution pattern and synapsis initiation during spermatogenesis in zebrafish. *Dev Dyn* 243, 1448-1456.

Shinya, M., Kobayashi, K., Masuda, A., Tokumoto, M., Ozaki, Y., Saito, K., Kawasaki, T., Sado, Y., and Sakai, N. (2013). Properties of gene knockdown system by vector-based siRNA in zebrafish. *Dev Growth Differ* 55, 755-765.

Model Fish Genomics Resource Laboratory 小型魚類開発研究室

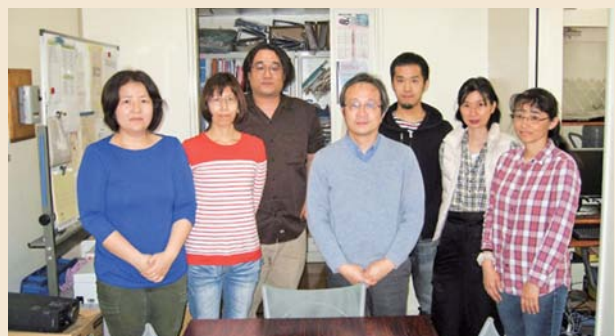
Sakai Group 酒井研究室



SAKAI, Noriyoshi
Associate Professor
酒井則良 准教授



KAWASAKI, Toshihiro
Assistant Professor
河崎敏広 助教



<https://www.nig.ac.jp/labs/FishDev/index.html>

Molecular genetics of plant embryogenesis

イネ分子遺伝学による植物初期発生機構の解明



写真上段：共焦点レーザー蛍光顕微鏡観察によるイネ胚（完熟胚）の中央断面。写真下段：左から、イネ籾、コメ（左上に胚がある）、茎頂分裂組織のマーカーとなるOSH1タンパクを検出した免疫染色、実験室内で開花したイネの花。

Upper panel: mature rice embryo observed by confocal laser scanning microscope.

Lower panels from left: rice grain, brown rice, immunohistochemical staining of a marker of undifferentiated stem cells in the shoot apical meristem in rice (OSH1), rice flowers.

穀類モデル植物であるイネを主な実験材料にして、植物初期発生の分子基盤についての研究を進めています。突然変異系統など多様なイネ遺伝資源を活用して、受精後の植物胚における、頂部-基部また背-腹といった軸形成や器官分化の遺伝的制御機構の解明に取り組んでいます。また、イネだけでなくイネ属、イネ科植物を用いた比較ゲノム解析から、発生過程やその制御機構の可塑性の分子基盤とゲノム進化機構の解明を目指しています。イネ遺伝資源事業として、突然変異系統の選抜、野生イネの特性解析などの研究、開発、分譲も行っています。

The goal of our research is to elucidate the mechanism of plant embryogenesis. We are focusing on processes of the patterning of apical-basal or dorsal-ventral axis formation, and the organogenesis during early stages of rice embryogenesis. We are taking a molecular genetic approach using a series of rice embryogenesis defective mutants as well as comparative embryology and genomics approaches in grass species. We are also responsible for managing, preservation, propagation, and distribution of rice genetic resources of wild rice species collected in the NIG under the NBRP.

Selected Publications

Suzuki, M., Sato, Y., Wu, S., Kang, B.H., and McCarty, D.R. (2015). Conserved Functions of the MATE Transporter BIG EMBRYO 1 in Regulation of Lateral Organ Size and Initiation Rate. *Plant Cell* 27, 2288-2300.

Ishiwata, A., Ozawa, M., Nagasaki, H., Kato, M., Noda, Y., Yamaguchi, T., Nosaka, M., Shimizu-Sato, S., Nagasaki, A., Maekawa, M., Hirano, H.Y., and Sato, Y. (2013). Two *WUSCHEL*-related homeobox Genes, *narrow leaf2* and *narrow leaf3*, control leaf width in rice. *Plant Cell Physiol* 54, 779-792.

Nosaka, M., Itoh, J., Nagato, Y., Ono, A., Ishiwata, A., and Sato, Y. (2012). Role of transposon-derived small RNAs in the interplay between genomes and parasitic DNA in rice. *PLoS Genet* 8, e1002953.

Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室

Sato Group 佐藤研究室



SATO, Yutaka
Professor
佐藤 豊 教授



KUBO, Takahiko
Assistant Professor
久保貴彦 助教

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/sato>



Genetic dissection of the cell division mechanism using single-cellular model organisms

モデル単細胞を使った細胞分裂の遺伝制御メカニズム



ジャボニカス分裂酵母の菌糸型細胞。核を緑色蛍光タンパク質で、細胞質を赤色蛍光タンパク質で識別した。

Hyphal cells of *Schizosaccharomyces japonicus*. Green fluorescent protein indicates nuclei and red fluorescent protein indicates cytosolic region.

大腸菌や酵母は、細胞増殖の基本メカニズムを解明する上で極めて有効なモデル生物です。これまでに原核細胞と真核細胞を適宜に取り扱い、染色体やプラスミドDNAが動く仕組み、細胞の形が決まる仕組み等の研究を進めています。遺伝学的もしくは細胞生物学的手法を用いて、細胞内で起こる現象を観察しています。蛍光タンパク質によるDNAやタンパク質のイメージングにより、細胞増殖の過程で新しい現象を発見してきました。特に、このような細胞観察に適したジャボニカス分裂酵母は菌糸増殖と細胞周期のモデル細胞として適しており、酵母から菌糸に転換する遺伝的制御が次々と明らかになってきています。

大腸菌バイオリソース <https://shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain>

枯草菌バイオリソース <https://shigen.nig.ac.jp/bsub/>

Bacteria and yeasts are suitable model organisms to understand the fundamental mechanisms on cell proliferation. Our laboratory studies the mechanisms behind chromosome or plasmid DNA dynamics in the cell or the mechanism underlies cell shape formation. Genetic methods as well as cell-biological methods were used to observe those intracellular events. We have made several novel observations in cell proliferation mechanism by using fluorescent-based protein or DNA imaging. Especially *S. japonicus* yeast suits for those cell biological analyses, and studies of hyphal growth and cell cycle add special value on this organism. Novel genetic system has been elucidated by recent our works.

Selected Publications

Aoki, K., Furuya, K., and Niki, H. *Schizosaccharomyces japonicus*: a dimorphic yeast alone among the fission yeast. CSHL Protocol Ch.16. in press.

Monteiro, D.C., Patel, V., Bartlett, C.P., Nozaki, S., Grant, T.D., Gowdy, J.A., Thompson, G.S., Kalverda, A.P., Snell, E.H., Niki, H., Pearson, A.R., and Webb, M.E. (2015). The structure of the PanD/PanZ protein complex reveals negative feedback regulation of pantothenate biosynthesis by coenzyme A. *Chem Biol* 22, 492-503.

Niki, H. (2014). *Schizosaccharomyces japonicus*: the fission yeast is a fusion of yeast and hyphae. *Yeast* 31, 83-90.

Microbial Genetics Laboratory 原核生物遺伝研究室

Niki Group 仁木研究室



NIKI, Hironori
Professor
仁木宏典 教授



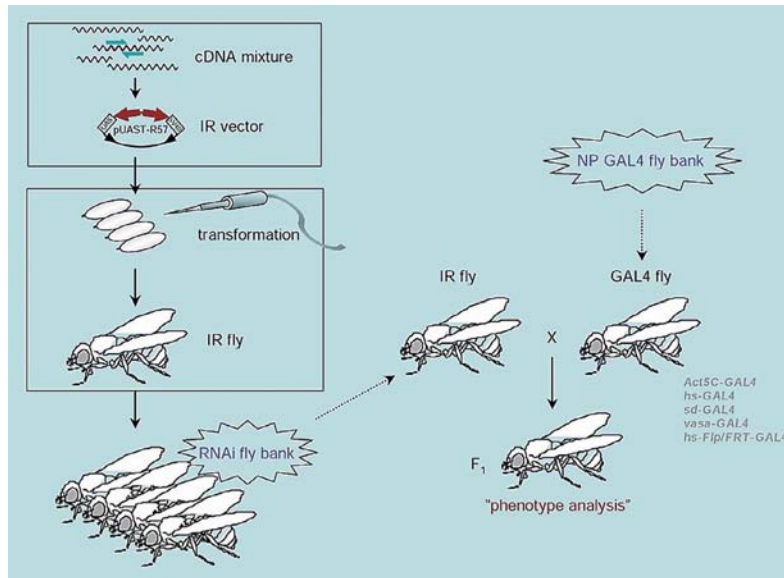
AOKI, Keita
Assistant Professor
青木敬太 助教



<https://www.nig.ac.jp/labs/MicroGen/>

Comprehensive analyses of genome function in *Drosophila*

RNAi 変異体を使ったゲノム機能の体系的解析



ショウジョウバエの遺伝子はおよそ 1 万 7 千個と推定され、その 70% はヒト遺伝子と相同です。これらの遺伝子を壊すと生体どのような影響が現れるのか、お互いがどのように協働して生体の機能を担っているのか、ヒト遺伝子の機能を知るためにもハエを使った包括的な遺伝学的解析が望まれています。このため、私たちはショウジョウバエの全遺伝子について RNAi やゲノム編集の技術で変異体を作製し、個体レベルで遺伝子の機能を理解し、また遺伝子間のネットワークをも明らかにする系を作りつつ多くの共同研究を進めています。

Although the entire human genome sequence has been determined, real functions of human genes are far from being completely understood. *Drosophila* has a total of 17,000 genes that is about 2/3 of the genes found in humans but a large amount of these genes (approx. 70%) were discovered to have similar functions and show significant homology to humans. We are planning to investigate the function of fly genes comprehensively as a suitable model for studying the functional genomics of multicellular organisms.

Selected Publications

Perkins, L.A., Holderbaum, L., Tao, R., Hu, Y., Sopko, R., McCall, K., Yang-Zhou, D., Flockhart, I., Binari, R., Shim, H.S., Miller, A., Housden, A., Foos, M., Randkelv, S., Kelley, C., Namgyal, P., Villalta, C., Liu, L.P., Jiang, X., Huan-Huan, Q., Wang, X., Fujiyama, A., Toyoda, A., Ayers, K., Blum, A., Czech, B., Neumuller, R., Yan, D., Cavallaro, A., Hibbard, K., Hall, D., Cooley, L., Hannon, G.J., Lehmann, R., Parks, A., Mohr, S.E., Ueda, R., Kondo, S., Ni, J.Q., and Perrimon, N. (2015). The Transgenic RNAi Project at Harvard Medical School: Resources and Validation. *Genetics* 201, 843-852.

Akbari, O.S., Bellen, H.J., Bier, E., Bullock, S.L., Burt, A., Church, G.M., Cook, K.R., Duchek, P., Edwards, O.R., Esvelt, K.M., Gantz, V.M., Golic, K.G., Gratz, S.J., Harrison, M.M., Hayes, K.R., James, A.A., Kaufman, T.C., Knoblich, J., Malik, H.S., Matthews, K.A., O'Connor-Giles, K.M., Parks, A.L., Perimon, N., Port, F., Russell, S., Ueda, R., and Wildonger, J. (2015). BIOSAFETY. Safeguarding gene drive experiments in the laboratory. *Science* 349, 927-929.

Zhai, Z., Kondo, S., Ha, N., Boquete, J.P., Brunner, M., Ueda, R., and Lemaire, B. (2015). Accumulation of differentiating intestinal stem cell progenies drives tumorigenesis. *Nat Commun* 6, 10219.

Invertebrate Genetics Laboratory 無脊椎動物遺伝研究室

Ueda Group 上田研究室



UEDA, Ryu
Project Professor
上田 龍 特任教授



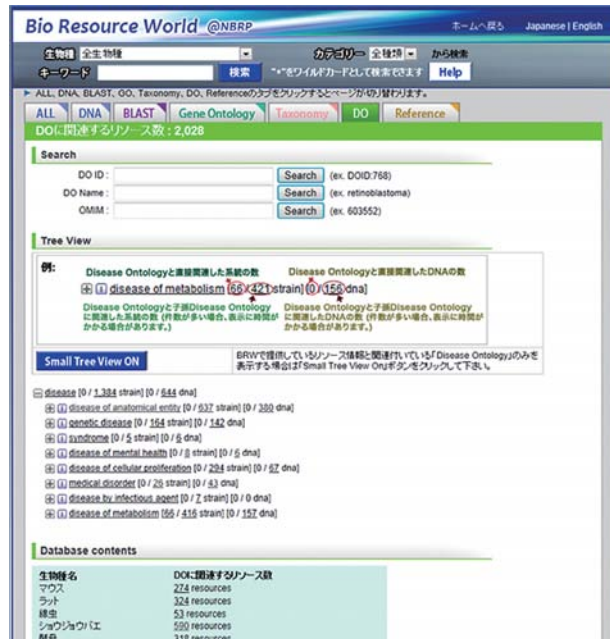
KONDO, Shu
Assistant Professor
近藤 周 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/InvGen/fly/Home.html>



Sophisticated utilization of biological resource information

遺伝資源情報の高度利用に関する研究



ナショナルバイオリソースプロジェクト総合検索サイト (BRW) - 全リソース約650万件を、keyword、sequence、gene ontology、disease ontology、taxonomy、Referenceなどで検索することができます。

.....
 National BioResource Project - Integrated BioResource Database (BRW)- The BRW provides access to a collection of 6.5 million records on bioresources and supports summary browsing, keyword searching, and searching by DNA Sequences, gene ontology, disease ontology, or references.

インターネットから入手できるデータ量は膨大ですが、かならずしも知識量の増加にはつながりません。意味のある情報の抽出には工夫が必要です。「概念の構造化 (=オントロジー)」とは、実験系や材料、学問の背景などが異なるためそのままでは同じ土俵で比較できない情報を、様々な概念レベルで整理して有効に利用しようという考え方です。

当研究室では遺伝資源情報の整理にこの方法を応用し、生物種によってバラバラに記載されている情報を統合的かつ様々な視点から生物種横断的に利用できるようにシステムを開発しています。

It is important to have an intelligent data retrieval system to extract meaningful information from huge amount of data through the internet. One of the solutions is to use ontology. The term "ontology" means a structure of concepts. The use of ontology enables data which were originally defined differently to be compatible on a conceptual level. By applying various biological ontologies such as gene ontology, plant ontology and disease ontology to biological resource databases, we have been developing an advanced retrieval system that allows users to conduct cross species search for experimental resources.

Selected Publications

Ishihama, A., Shimada, T., and Yamazaki, Y. (2016). Transcription profile of *Escherichia coli*: genome SELEX search for regulatory targets of transcription factors. *Nucleic Acid Res* 44, 2058-2074.

Shikata, M., Hoshikawa, K., Arizumi, T., Fukuda, N., Yamazaki, Y., and Ezura, H. (2016). TOMATOMA Update: Phenotypic and Metabolite Information in the Micro-Tom Mutant Resource. *Plant Cell Physiol* 57, e11.

Takada, T., Yoshiki, A., Obata, Y., Yamazaki, Y., and Shiroishi, T. (2015). NIG-MoG: a mouse genome navigator for exploring intersubspecific genetic polymorphisms. *Mamm Genome* 26, 331-337.

Genetic Informatics Laboratory 系統情報研究室

Yamazaki Group 山崎研究室



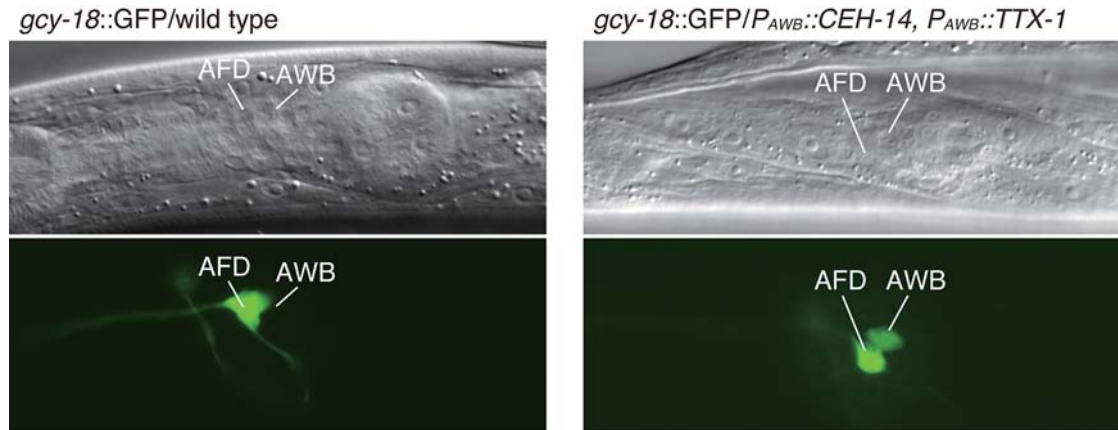
YAMAZAKI, Yukiko
Associate Professor
山崎由紀子 准教授



<http://www.shigen.nig.ac.jp>

Genome biology of *C. elegans* development

線虫発生のゲノム生物学



線虫 *C. elegans* の神経細胞での遺伝子発現調節
 温度感受神経細胞 AFD だけに発現する遺伝子 *gcy-18* の転写制御に必要な配列を明らかにしました。この配列に GFP レポーターをつなぐと AFD だけで発現が見られます (図左)。この発現には、一組のホメオボックス転写因子 CEH-14 と TTX-1 が同時に働くことが必要でしたが、さらに、これらを異所発現させることにより AFD とは別の感覚神経 AWB でも *gcy-18* が発現したことから (図右)、AFD における *gcy-18* の発現には、転写因子 CEH-14 と TTX-1 の協調的な動きが必要かつ十分であることがわかりました。

Gene expression regulation in nerve cells of the nematode *C. elegans*
 We have identified the regulatory sequence for the gene *gcy-18* that is expressed only in the thermo-sensory neuron AFD: The regulatory sequence drove the GFP reporter only in AFD (Fig. left). We have also revealed that a pair of homeobox transcription factors (TFs) CEH-14 and TTX-1 is necessary and sufficient for the proper expression of *gcy-18*: The ectopic expression of them led to the expression of *gcy-18* in another thermo-sensory neuron AWB (Fig. right).

「ゲノム情報から個体がどうやってできるのか？」そのメカニズム解明のために線虫 *C. elegans* を用いて研究を進めています。基盤的な情報を網羅的に得る作業と個別的な研究がバランスよく有機的に進むよう心がけています。基盤情報としては cDNA プロジェクトを出発点として全遺伝子の半分以上の約 14,000 遺伝子の発現パターンを明らかにしてきました。さらに RNAi、抗体作成などによって機能解析を進め、「どの遺伝子が、いつ、どの細胞で、何をしているか」というゲノムの発現・機能マップデータベース NEXTDB <http://nematode.lab.nig.ac.jp/> に統合化しています。

We are performing a systematic analysis of expression and function of the genome of the nematode *C. elegans*, aiming at understanding of the genetic program for development. We have already identified 14,000 genes through EST project, and have analyzed their expression patterns by using of whole mount in situ hybridization and their function by RNAi. All the information has been integrated in NEXTDB <http://nematode.lab.nig.ac.jp/>.

Selected Publications

Kagoshima, H., and Kohara, Y. (2015). Co-expression of the transcription factors CEH-14 and TTX-1 regulates AFD neuron-specific genes *gcy-8* and *gcy-18* in *C. elegans*. *Dev Biol* 399, 325-336.

Sumiyoshi, E., Takahashi, S., Obata, H., Sugimoto, A., and Kohara, Y. (2011). The β -catenin HMP-2 functions downstream of Src in parallel with the Wnt pathway in early embryogenesis of *C. elegans*. *Dev Biol* 355, 302-312.

Mangone, M., Manoharan, A.P., Thierry-Mieg, D., Thierry-Mieg, J., Han, T., Mackowiak, S.D., Mis, E., Zegar, C., Gutwein, M.R., Khivansara, V., Attie, O., Chen, K., Salehi-Ashtiani, K., Vidal, M., Harkins, T.T., Bouffard, P., Suzuki, Y., Sugano, S., Kohara, Y., Rajewsky, N., Piano, F., Gunsalus, K.C., and Kim, J.K. (2010). The landscape of *C. elegans* 3'UTRs. *Science* 329, 432-435.

Genome Biology Laboratory 生物遺伝資源情報研究室

<https://www.nig.ac.jp/labs/GenBiol/>

Kohara Group 小原研究室



KOHARA, Yuji
Project Professor
小原雄治 特任教授

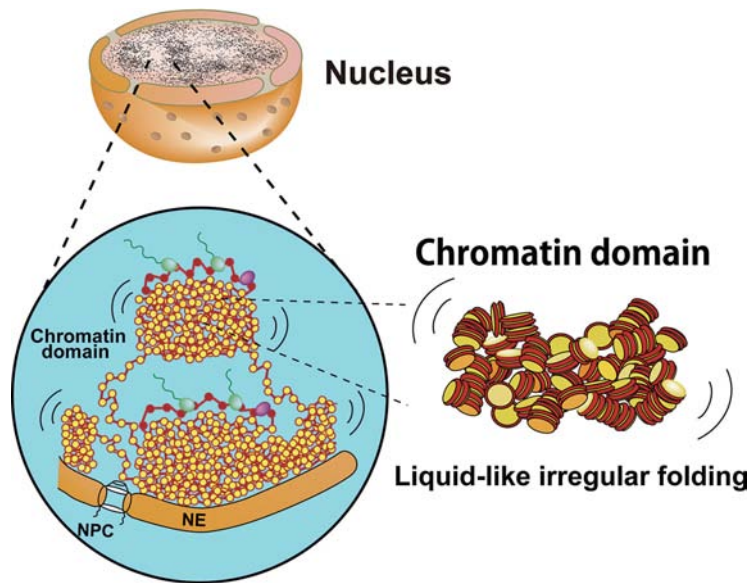


ANDACHI, Yoshiki
Assistant Professor
安達佳樹 助教



3D-organization and dynamics of human genome chromatin

ゲノムクロマチンの折り畳み構造とダイナミクス



ヌクレオソーム線維（10-nm線維）は細胞の核内でとても不規則な形で折り畳まれ、ドメインを形成している。クロマチンは「液体」のようにふるまい、規則性を持つ大きな構造に比べて、物理的な束縛が少なく、より動きやすい。NPC, 核膜孔; NE, 核膜

Chromatin consists of irregularly folded 10-nm fibers and forms numerous chromatin domains in the cell nuclei. Chromatin dynamically behaves like "liquid". NPC, nuclear pore complex; NE, nuclear envelope.

本研究室では、「ゲノムDNAが細胞のなかに、三次元的にどのように折り畳まれ、そしてどのようにゲノムが読み出されるのか？」を研究しています。最近、細胞内のクロマチンがとても不規則な形で柔軟に折り畳まれていることを発見しました。今後、この知見を、遺伝子発現、発生分化、エピジェネティクスなど、幅広い研究につなげていきます。1分子イメージング、超解像顕微鏡イメージング、X線散乱解析、シミュレーション、さらには新しいクロマチン精製法などを組み合わせて、ユニークな研究を目指しています。

Our research interest is to know how a long string of genomic DNA is three-dimensionally organized in the cell, and how the genome is read out for cellular proliferation, differentiation and development. For this purpose, we are using a unique combination of molecular cell biology and biophysics, such as single molecule imaging, super-resolution imaging, X-ray scattering and computational simulation.

Selected Publications

Maeshima, K., Ide, S., Hibino, K., and Sasai, M. (2016). Liquid-like behavior of chromatin. *Curr Opin Genet* 27, 36-45.

Hihara, S., Pack, C.G., Kaizu, K., Tani, T., Hanafusa, T., Nozaki, T., Takemoto, S., Yoshimi, T., Yokota, H., Imamoto, N., Sako, Y., Kinjo, M., Takahashi, K., Nagai, T., and Maeshima, K. (2012). Local nucleosome dynamics facilitate chromatin accessibility in living Mammalian cells. *Cell Rep* 2, 1645-1656.

Nishino, Y., Eltsov, M., Joti, Y., Ito, K., Takata, H., Takahashi, Y., Hihara, S., Frangakis, A.S., Imamoto, N., Ishikawa, T., and Maeshima, K. (2012). Human mitotic chromosomes consist predominantly of irregularly folded nucleosome fibres without a 30-nm chromatin structure. *EMBO J* 31, 1644-1653.

Biological Macromolecules Laboratory 生体高分子研究室

Maeshima Group 前島研究室



MAESHIMA, Kazuhiro
Professor
前島一博 教授



IDE, Satoru
Assistant Professor
井手 聖 助教



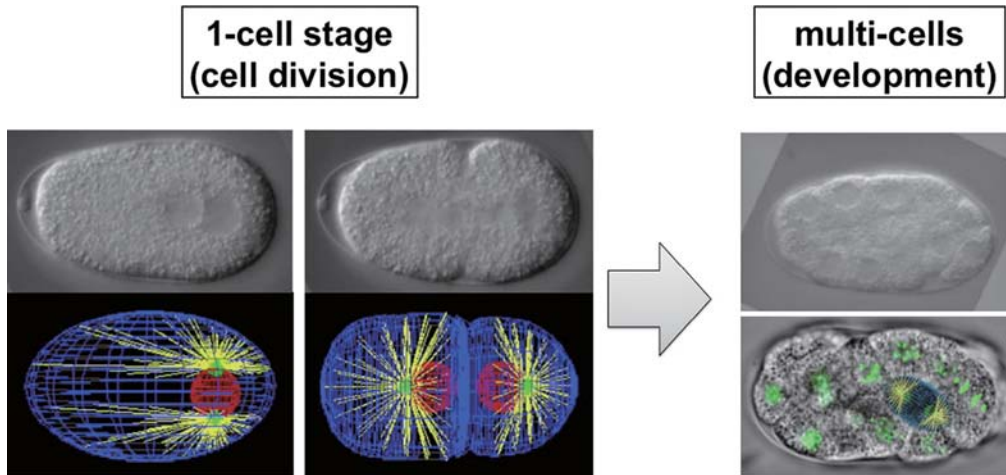
HIBINO, Kayo
Assistant Professor
日比野佳代 助教



<https://www.nig.ac.jp/labs/MacroMol/>

Understanding cell architecture through quantification and modeling

細胞建築学：定量計測とモデル構築をとおりて細胞構造を理解する



我々が製作した定量的模型。(左) 線虫1細胞期の細胞分裂。(右) 異なる発生ステージにおける紡錘体構造の伸長モデル。上側が実際の細胞の顕微鏡像で、下側が我々の模型を表しています。

Our quantitative models on cell division at 1-cell stage (left) and on spindle elongation at different developmental stages (right) in *C. elegans*. The upper panels show actual *C. elegans* embryos and the lower panels show our models.

細胞は生命の最小単位であると同時に、自然が作り上げたみごと
な建築物です。「どのようにして多くの小さな分子があつまって、
細胞という調和のとれた構造体ができあがるのか？」この問いに
答えるために、我々は細胞の3次元の構造とその時間軸に伴う
動きを再現し予測する「4次元模型」の製作を行っています。細胞
建築研究室では現在、細胞核と染色体が細胞内の適切な位置に
配置するしくみに注目しています。細胞骨格がもたらす力が、核や
染色体、細胞質にどのように作用して細胞が建築されるかを理解
することを目指しています。

Cells are the minimal unit of life, and are beautiful
architecture in nature. One big mystery in cell biology is ‘how
a huge number of tiny macromolecules assemble into a cell
with organized and dynamic structure?’ To tackle this
question, we are constructing quantitative 4-dimensional
models of Cell Architecture. Our primary focus is on the
intracellular positioning of the nucleus and chromosomes.
Through our study, we aim to understand the mechanics of
the nucleus, chromosomes, and the cytoplasm, as well as
the force generated by the cytoskeletons.

Selected Publications

Hara, Y., Iwabuchi, M., Ohsumi, K., and Kimura, A. (2013). Intranuclear DNA density affects chromosome condensation in metazoans. *Mol Biol Cell* 24, 2442-2453.

Niwayama, R., Shinohara, K., and Kimura, A. (2011). The hydrodynamic property of the cytoplasm is sufficient to mediate cytoplasmic streaming in the *Caenorhabditis elegans* embryo. *Proc Natl Acad Sci USA* 108, 11900-11905.

Kimura, K., and Kimura, A. (2011). Intracellular organelles mediate cytoplasmic pulling force for centrosome centration in the *Caenorhabditis elegans* early embryo. *Proc Natl Acad Sci USA* 108, 137-142.

Cell Architecture Laboratory 細胞建築研究室

Kimura Group 木村研究室

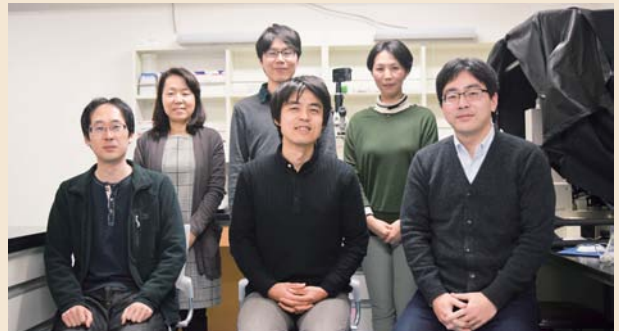


KIMURA, Akatsuki
Professor
木村 暁 教授



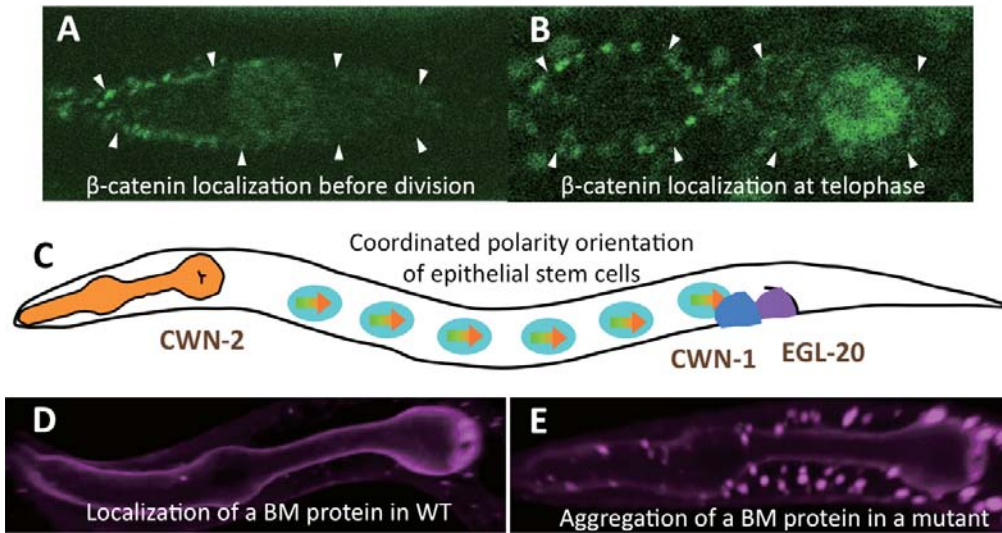
KIMURA, Kenji
Assistant Professor
木村健二 助教

https://www.nig.ac.jp/labs/CelArchi/cell_archi_home.html



Developmental cell biology using *C. elegans*

線虫を用いた発生細胞生物学



非対称分裂前 (A)、分裂終期 (B) での β カテニンの非対称な局在。矢頭は細胞の輪郭。(C) 表皮幹細胞 (水色) の極性方向 (矢印) は三種類の Wnt 分子 (CWN-1, CWN-2, EGL-20) によって冗長的に制御されている。野生型 (D) と新規変異体 (E) の咽頭における基底膜蛋白の局在。変異体では蛋白が凝集し分泌されない。

Asymmetric localization of β -catenin before (A) and at telophase (B) of asymmetric division. Arrowheads indicate cell boundary. (C) Polarity orientation (arrows) of epithelial stem cells (light blue) is redundantly controlled by three Wnt molecules (CWN-1, CWN-2, EGL-20). Localization of a basement membrane protein in pharynx in wild type (D) and a mutant (E). In the mutant, the protein forms aggregation.

体が透明な線虫 *C. elegans* は細胞レベルでの研究に最適です。線虫を構成する多様な細胞は非対称分裂によって作られます。分裂時に β カテニンなどを非対称に局在させて異なる娘細胞を作ります。同様な局在はマウスの幹細胞でも観察されています。この局在は同じ方向性を持っているので、全ての細胞は前後の方向を知っています。どのように細胞が方向を知り、非対称に分裂し、娘細胞間で異なる遺伝子を発現して特異的な運命を獲得しているのか研究しています。また、基底膜成分の分泌や細胞浸潤の機構についても研究しています。

Asymmetric cell division that produces daughter cells with distinct cell fates is a fundamental mechanism by which cellular diversity is produced. Most cells in *C. elegans* have the same anterior-posterior polarity in terms of localizations of Wnt signaling components such as β -catenin, and divide asymmetrically to produce a variety of cell types. We are studying how each cell knows the correct orientation, how it divides asymmetrically and how the daughter cells acquire specific cell fates. We are also studying mechanisms of cell invasion and secretion of basement membrane proteins.

Selected Publications

Ihara, S., Hagedorn, E.J., Morrissey, M.A., Chi, Q., Motegi, F., Kramer, J.M., and Sherwood, D.R. (2011). Basement membrane sliding and targeted adhesion remodels tissue boundaries during uterine vulval attachment in *C. elegans*. *Nat Cell Biol* 13, 641-51.

Sugioka, K., Mizumoto, K., and Sawa, H. (2011). Wnt regulates spindle asymmetry to generate asymmetric nuclear β -catenin in *C. elegans*. *Cell* 146, 942-954.

Yamamoto, Y., Takeshita, H., and Sawa, H. (2011). Multiple Wnts redundantly control polarity orientation in *Caenorhabditis elegans* epithelial stem cells. *PLoS Genet* 7, e1002308.

Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室

Sawa Group 澤 研究室



SAWA, Hitoshi
Professor
澤 斉 教授



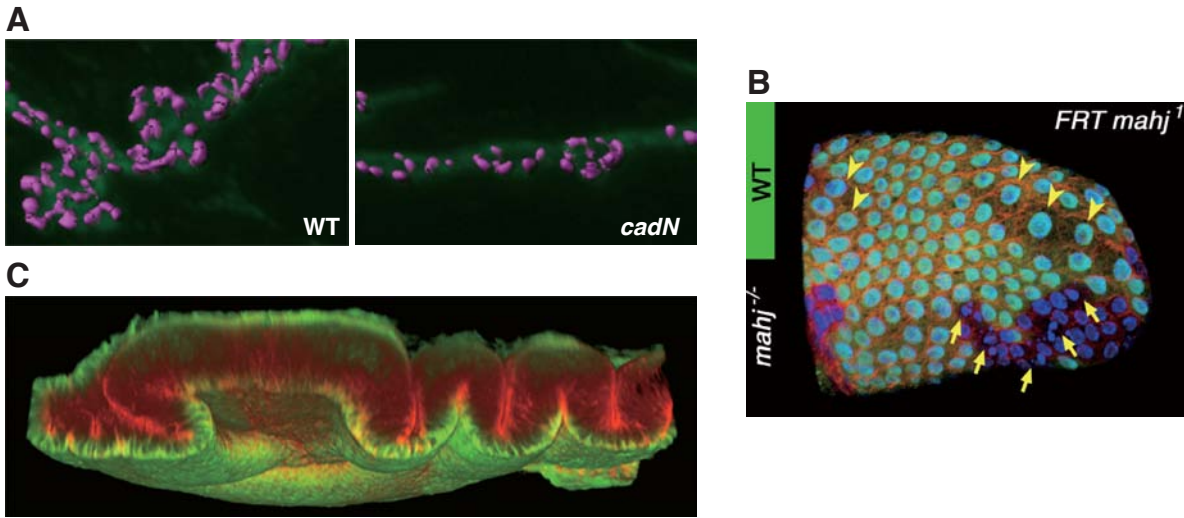
IHARA, Shinji
Assistant Professor
伊原伸治 助教

<https://www.nig.ac.jp/labs/MultiOrg/Multicellular/Home.html>



Studies on cell structure – function relation using *Drosophila* molecular genetics

ショウジョウバエ分子遺伝学を用いた細胞機能–構造連関の研究



(A) 細胞接着タンパク質の遺伝子突然変異 (*cadN*) による運動神経終末 (緑) のシナプス (マゼンタ) 発達障害。(B) 分裂終了期の濾胞上皮で誘導された、細胞競合による *mahj*^{-/-} クローン (青い核) の細胞死 (矢印) と野生型クローン (水色の核) の補償的細胞肥大 (矢頭)。(C) 腫瘍形成のモデルとなる成虫原基上皮組織。

(A) Impairment in synapse (magenta) development of motoneuron terminals (green) by genetic mutation of a cell-adhesion protein (*cadN*). (B) Cell competition-dependent apoptosis (arrows) in *mahj*^{-/-} clones (blue nuclei) and compensatory cellular hypertrophy (arrowheads) in wild-type clones (pale blue nuclei), induced in post-mitotic follicular epithelium. (C) Imaginal disc epithelium, a model for studies on tumorigenesis.

当研究室では組織内における細胞の機能発現と細胞構造との関係をモデル生物であるショウジョウバエを用いて研究しています。細胞内微細構造上でどのような分子ネットワークが互いにどのように協調して働いているのか、といった側面に注目し、分子遺伝学の手法と様々なイメージングの手法を駆使して解析を行っています。現在、「神経回路の形成と機能発現機構」および「組織の恒常性維持とその破綻による腫瘍形成機構」のテーマを中心に研究を進めています。

Our laboratory is interested in relation of cellular fine structures and their functions in tissue organization. We are studying the molecular networks on cellular fine structures involved in various cell activities by molecular genetics and various imaging techniques, using a model animal, *Drosophila melanogaster*. Currently we are addressing the following issues; 1. Development and function of neural networks, 2. homeostasis of tissue organization and its impairment causing tumor generation.

Selected Publications

Sugie, A., Hakeda-Suzuki, S., Suzuki, E., Silies, M., Shimozono, M., Möhl, C., Suzuki, T., and Tavosanis, G. (2015). Molecular remodeling of the presynaptic active zone of *Drosophila* photoreceptors via activity-dependent feedback. *Neuron* 86, 711-725.

Tamori, Y., and Deng, W.M. (2014). Compensatory cellular hypertrophy: the other strategy for tissue homeostasis. *Trends Cell Biol* 24, 230-237.

Kurusu, M., Katsuki, T., Zinn, K., and Suzuki, E. (2012). Developmental changes in expression, subcellular distribution, and function of *Drosophila* N-cadherin, guided by a cellintrinsic program during neuronal differentiation. *Dev Biol* 366, 204-217.

Gene Network Laboratory 遺伝子回路研究室

<https://www.nig.ac.jp/labs/GenNetwk/kairo-hp/home/index.html>

Suzuki Group 鈴木研究室



SUZUKI, Emiko
Associate Professor
鈴木えみ子 准教授

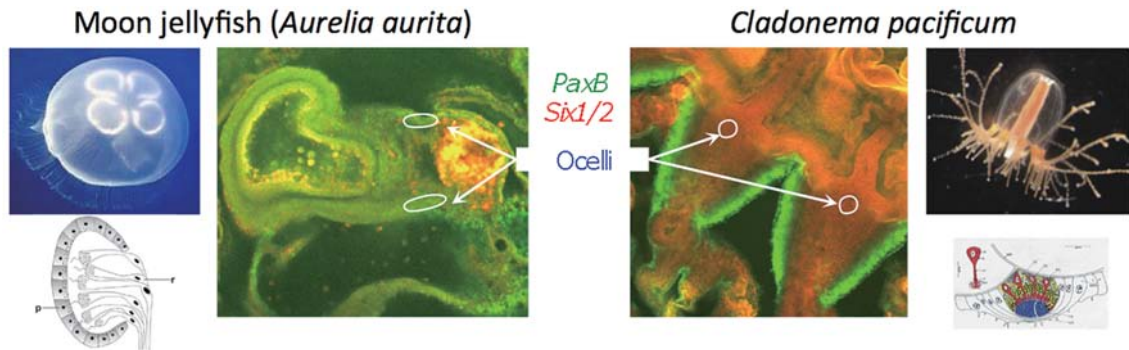


TAMORI, Yoichiro
Assistant Professor
田守洋一郎 助教



Study for molecular evolution using genome sequence and gene expression

ゲノム配列と遺伝子発現からみた分子進化学



2種の刺胞動物における*paxB*と*six1/2*の発現。(左) ミズクラゲ、(右) エダアシクラゲ、Ocelli: 眼点。ミズクラゲはカップ眼、エダアシクラゲはレンズ眼を持つ。*pax6* (*paxB*) は動物全般において眼の形成を司るマスター遺伝子であるが、刺胞動物においては*six1/2*がより眼の近傍に発現しており、眼形成において重要な役割を果たしている可能性がある。

Expression of eye patterning genes, *paxB* and *six1/2* in two species of jellyfishes. While *pax6* is well known as a master control gene for eye formation, *six1/2* is also expressed in the area adjacent to ocellus and possibly takes a major role in the eye formation of these jellyfishes.

本研究室では、生物が新規の形質や特性を獲得するための分子基盤とその進化過程の解明を目指し、動物や細菌などを材料としてゲノム配列や遺伝子発現情報の比較解析を用いた様々な研究を行っています。特に(1)メタゲノム解析を用いた海洋微生物の多様性とダイナミクスの解明、(2)中枢神経系や感覚器の起源と進化に伴う遺伝子ネットワーク変化の解明、(3)ヒドラ-緑藻間の細胞内共生の分子機構の解明とその進化的意義、(4)ショウジョウバエにおける遺伝子量補償機構の進化過程の解明、(5)情報科学を用いた大規模データ解析システムの開発と知識発見に力を注いで研究を行っております。

We have studied the evolutionary process for acquisition of novel phenotypic characters by comparative genomics and molecular evolutionary approaches, using various materials such as an animals or bacteria. Particularly, we have recently focused more on (1) Biodiversity and dynamics of marine microbes based on metagenomic analysis, (2) Evolutionary dynamics of gene expression profiles underling the evolution of central nervous system and sensory organs, (3) Molecular mechanism of endosymbiosis between hydra and algae and its evolutionary significance, (4) Evolutionary process of dosage compensation in *Drosophila*, and (5) Study of Bioinformatics by using big-data.

Selected Publications

Monma, N., Gojobori, T., and Ikeo, K. (2014). Human genome network platform: a resource for TFRN analysis. *Methods Mol Biol* 1164, 147-162.

Liu, Q.X., Wang, X.F., Ikeo, K., Hirose, S., Gehring, W.J., and Gojobori, T. (2014). Evolutionarily conserved transcription factor Apontic controls the G1/S progression by inducing cyclin E during eye development. *Proc Natl Acad Sci USA* 111, 9497-9502.

Yu, Q., Li, X.T., Zhao, X., Liu, X.L., Ikeo, K., Gojobori, T., and Liu, Q.X. (2014). Coevolution of axon guidance molecule Slit and its receptor Robo. *PLoS ONE* 9, e94970.

Laboratory for DNA Data Analysis 遺伝情報分析研究室

Ikeo Group 池尾研究室

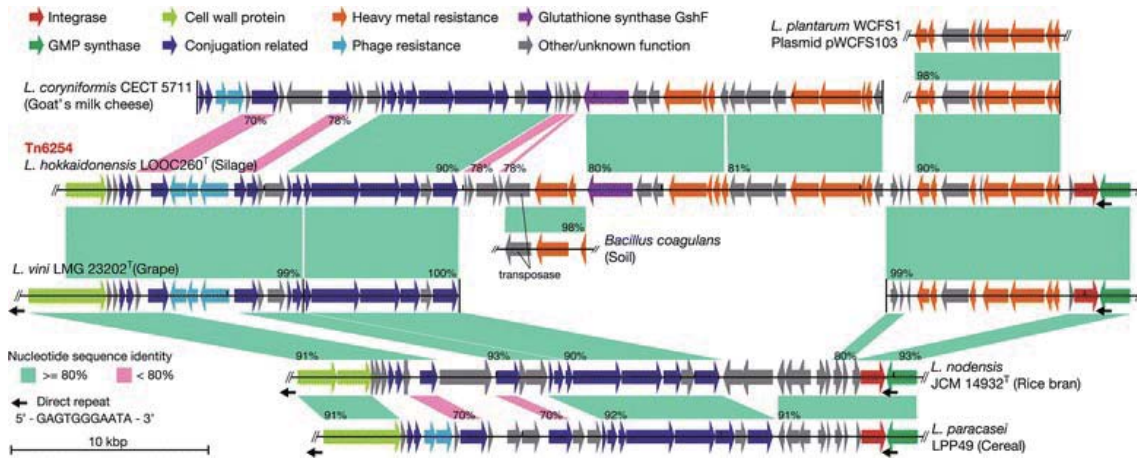


IKEO, Kazuho
Associate Professor
池尾一穂 准教授

<https://www.nig.ac.jp/labs/DnaData/index.html>


Finding the link between metabolic variation and evolution

生物界における代謝の多様性と進化の関係を解き明かす



ラクトバチルス属における組み込み型接合因子の比較。L. hokkaidonensisは貯蔵牧草由来だが、乳製品やワインの乳酸菌ともDNA配列が高い割合で一致する。
 Comparisons of integrated and conjugative elements from *L. hokkaidonensis* and several species in the genus *Lactobacillus*. Nucleotide sequences are highly similar even though isolated from different environments. (Figure from the article Tanizawa et al. 2015 [open access])

主なテーマはゲノミクスとメタボロミクス（代謝 ‘metabolism’ からきた言葉です）による代謝ネットワークの解析です。計算機による解析の対象とする生物種は幅広く、乳酸菌や微細藻類から、高等植物、マウスまで扱います。様々な代謝物がどのように生成され利用されるのかを、生物界という広い視点で明らかにしたいと考えています。MassBank (<http://massbank.jp>) やLipidBank (<http://lipidbank.jp>) のようなデータベースのほか様々な解析ツールも作成しています。

Our activity is summarized as the network analysis using genomics and metabolomics (this word comes from ‘metabolism’). Our computational analysis targets many biological species from lactobacilli and microalgae to higher plants and mice. The research goal is the understanding of metabolite evolution and distribution in the biosphere. Major research results include databases such as MassBank (<http://massbank.jp>) and LipidBank (<http://lipidbank.jp>), as well as analytical software tools for genomics and metabolomics.

Selected Publications

Tsugawa, H., Cajka, T., Kind, T., Ma, Y., Higgins, B., Ikeda, K., Kanazawa, M., VanderGheynst, J., Fiehn, O., and Arita, M. (2015). MS-DIAL: data-independent MS/MS deconvolution for comprehensive metabolome analysis. *Nature Methods* 12, 523-526.

Tanizawa, Y., Tohno, M., Kaminuma, E., Nakamura, Y., and Arita, M. (2015). Complete genome sequence and analysis of *Lactobacillus hokkaidonensis* LOOC260(T), a psychrotrophic lactic acid bacterium isolated from silage. *BMC Genomics* 16, 240.

Endo, A., Tanizawa, Y., Tanaka, N., Maeno, S., Kumar, H., Shiwa, Y., Okada, S., Yoshikawa, H., Dicks, L., Nakagawa, J., and Arita, M. (2015). Comparative genomics of *Fructobacillus* spp. and *Leuconostoc* spp. reveals niche-specific evolution of *Fructobacillus* spp. *BMC Genomics* 16, 1117.

Laboratory of Biological Networks 生命ネットワーク研究室

Arita Group 有田研究室



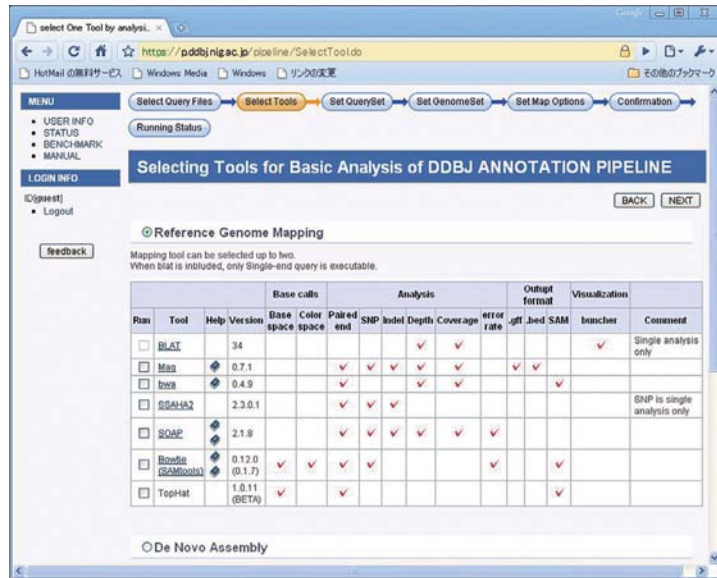
ARITA, Masanori
 Professor
 有田正規 教授

<https://sites.google.com/site/aritalab/>



Promotion of DDBJ as an infrastructure database for lifescience

生物研究の基盤データベースとしてのDDBJ事業の推進



NGS自動配列解析システム「DDBJ Read Annotation Pipeline」のreference mappingのツール選択画面
A screenshot of reference mapping tools on a NGS automatic analytical system

高速シーケンサの技術革新と共に、塩基配列のデータベースは大規模化が進んでいます。このことによりデータ処理が難しくなり、配列注釈不足や特徴情報の記載誤りも問題となっています。中村研究室は、日本DNAデータバンク (DDBJ) 業務担当研究室として、データベース運用の高度化と配列注釈の質向上に取り組みます。特に、①次世代シーケンサ (NGS) の大量データ配列解析、②クラウド型データ解析システム構築、③ゲノム配列注釈の評価尺度研究を中心に、ゲノム配列のアノテーション・キュレーション処理の効率化を目指します。

Ultra high-throughput sequencing technologies allow biologists to obtain larger amounts of nucleotide sequence data. Reliable database operation and high-quality annotation supply are essential. As the core part of DNA Data Bank of Japan (DDBJ), Nakamura laboratory attempts 1) to develop advanced database management systems, and 2) to improve quality of annotations in DDBJ databases. We have been constructing an automatic analytical system “DDBJ Read Annotation Pipeline” in NIG supercomputers, and “TogoAnnotation” system as the integrated support tool for manual curations. Structural and functional annotations by automatic and manual processing are evaluated by using proposed statistical methods.

Selected Publications

Mashima, J., Kodama, Y., Kosuge, T., Fujisawa, T., Katayama, T., Nagasaki, H., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2016). DNA data bank of Japan (DDBJ) progress report. *Nucleic Acids Res* 44, D51-57.

Tanizawa, Y., Tohno, M., Kaminuma, E., Nakamura, Y., and Arita, M. (2015). Complete genome sequence and analysis of *Lactobacillus hokkaidonensis* LOOC260 (T), a psychrotrophic lactic acid bacterium isolated from silage. *BMC Genomics* 16, 240.

Ohyanagi, H., Ebata, T., Huang, X., Gong, H., Fujita, M., Mochizuki, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Feng, Q., Wang, Z.X., Han, B., and Kurata, N. (2016). OryzaGenome: Genome Diversity Database of Wild *Oryza* Species. *Plant Cell Physiol* 57, e1.

Genome Informatics Laboratory 大量遺伝情報研究室

Nakamura Group 中村研究室



NAKAMURA, Yasukazu
Professor
中村保一 教授



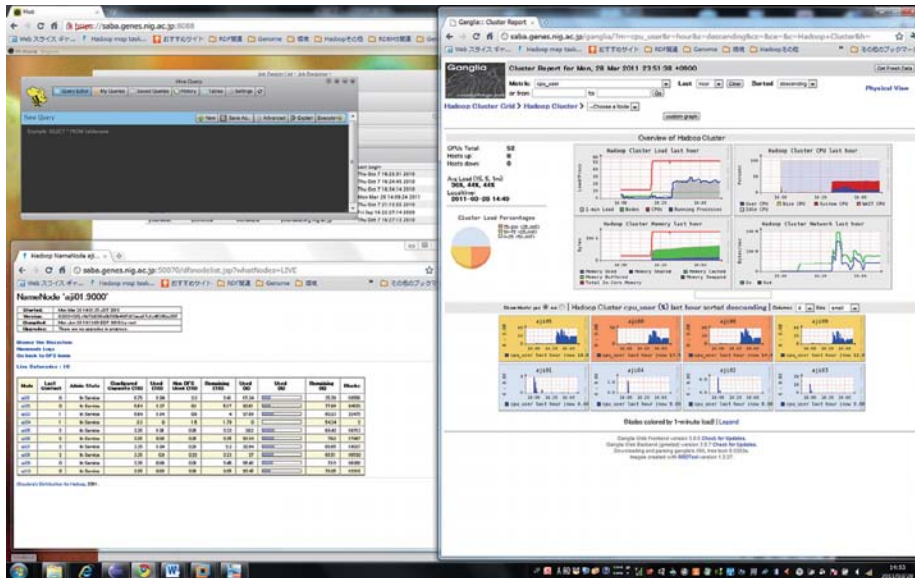
KAMINUMA, Eri
Assistant Professor
神沼英里 助教

<http://charles.genes.nig.ac.jp/>



Large scale data processing methods of genome data and biomedical knowledge

ゲノム情報・バイオメディカル知識の大規模データ処理手法の研究



Hadoopを利用した分散データ処理のテスト
Data processing tests using Hadoop distributed environment

遺伝研スーパーコンピュータシステムを利用したゲノム情報処理への並列分散コンピューティング技術、広域分散処理技術の適用研究を行っています。

急激に容量が増大する各種遺伝子情報解析データを処理するための技術として、ビッグデータをハンドリングするための各種並列分散処理技術 (Hadoop、分散KeyValueStore等) の適用研究を行っています。また、従来共有メモリ型大型計算機で処理していた各種大規模DBデータを、データ量の増大に対応が容易なコストパフォーマンスの高い分散メモリ型クラスタ計算機上で高速処理するための研究を行っています。

We have been conducting application study of paralleldistributed computing technology and wide area distributed computing technology to genome data processing.

We conduct feasibility study for applying new paralleldistributed computing technology such as Hadoop and distributed key-value store to genome data processing. We conduct research to handle large genome data in distributedmemory type parallel cluster computer which has elasticity for rapid data growth in bioinformatics.

Selected Publications

Cochrane, G., Karsch-Mizrachi, I., Takagi, T., and International Nucleotide Sequence Database Collaboration. (2016). The International Nucleotide Sequence Database Collaboration. *Nucleic Acids Res* 44, D48-D50.

Mashima, J., Kodama, Y., Kosuge, T., Fujisawa, T., Katayama, T., Nagasaki, H., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2016). DNA data bank of Japan (DDBJ) progress report. *Nucleic Acids Res* 44, D51-D57.

Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Katayama, T., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2014). The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data. *Nucl Acids Res* 43, D18-D22.

Laboratory for Research and Development of Biological Databases データベース運用開発研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/takagi>

Takagi Group 高木研究室

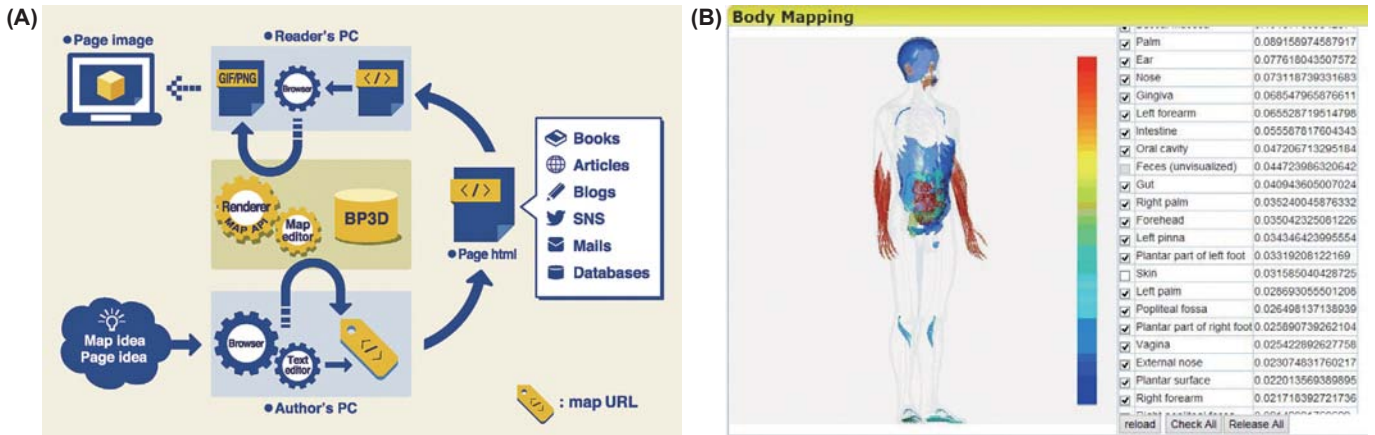


TAKAGI, Toshihisa
Professor
高木利久 教授



Developing technologies to make BioMedicine comprehensible and tractable

生命科学を機械に扱いやすく人に解りやすくする技術の開発



Anatomography サービス構成 (A) 利用例 (B). 医学現象は身体を場とします。情報整理5特徴 (場所、時間、文字、内容分類、値の大小) のうち医学に欠けていた場所による整理を可能にするために現在も技術開発中の Anatomography サービスは総合データベースセンターで実装開発され2007年から公開されています。

Architecture of anatomical mapping service in Anatomography (A) and a use case (B). Service, still under development, is constructed and maintained in DBCLS. Similarly to Google Maps, custom anatomical maps can be exchanged as map URL with or without superimposed data. In (B), shown is body distribution of a bacterial species in meta-genome.jp.

生命科学の知識は二つのステップで作られます。ステップA: 記述やデータに現象をキャプチャして保存交換する。ステップB: キャプチャされた現象の集合をドグマや関係式のセットの形で圧縮近似して利用可能にする。

現在ステップAはBに対し圧倒的に優勢です。Bに比べAはより高度なインテリジェンスを要するので機械的支援が行われていない為だと思われます。この不均衡は学問の効率的な進展の為にも知識の広い利用の為にも是正しなければなりません。当室ではBの為の技術を開発しています。

A body of biomedical knowledge is developed in 2 steps: StepA: accumulating and exchanging situations captured in descriptions and data; and StepB: abstract situations into a coherent set of dogmatic or mathematical statements so that people can use in decision-making. The overwhelming output of A, mainly due to the technological assistance by diagnostic, laboratory and communication machines, is making a stressful situation called "information over-load" or "data deluge". New technologies must be invented for B to make bigger return from investment in biomedicine.

Selected Publications

Mitsuhashi, N., Fujieda, K., Tamura, T., Kawamoto, S., Takagi, T., and Okubo, K. (2009). BodyParts3D: 3D structure database for anatomical concepts. *Nucleic Acids Res* 37 (Database issue), D782-785.

Ogasawara, O., Mashima, J., Kodama, Y., Kaminuma, E., Nakamura, Y., Okubo, K., and Takagi, T. (2013). DDBJ new system and service refactoring. *Nucleic Acids Res* 41 (Database issue), D25-29.

Okubo, K., and Tamura, T. (2011). System and computer software program for visibly processing an observed information's relationship with knowledge accumulations. US patent 20050203889.

Laboratory for Gene-Expression Analysis 遺伝子発現解析研究室

http://rgm22.nig.ac.jp/mediawiki-ogareport/index.php/Main_Page

Okubo Group 大久保研究室



OKUBO, Kousaku
Professor
大久保公策 教授



Comparative genomics through ultra-large scale sequencing

大規模比較ゲノム研究による生命の多様性と特異性の理解



比較ゲノム解析研究室でゲノム解析を実施した生物たち。
 上左：解剖前のシーラカンス稚魚 上右：ニホンザル 下左：カンガルー 下右：オオコオモリ的一种
 Picture of the animals whose genomes have been analyzed

当研究室では、ヒトを含む霊長類から、生命研究上の重要生物種や極地などの極限環境に棲息する生物まで、ゲノム構造多様性の徹底的な解読を通じて生命現象の原理原則を理解することを目標に研究活動を行っています。

当研究室は、先端ゲノミクス推進センターと協力して最新のゲノム解読技術とインフォマティクスをコアとする先端ゲノミクス研究を進めており、多くの外部研究機関との共同研究を積極的に進めています。

The Comparative Genomics Laboratory was established in April 2008 with the task to understand basic rules of biological systems based on actively reading and analyzing various genomes of interest using cutting-edge DNA sequencing and analysis technology. Currently, we are analyzing personalized genomes of primates in addition to the organisms those living in the extreme environmental conditions. The figures in the left column show examples of such activities.

Selected Publications

Takehana, Y., Matsuda, M., Myosho, T., Suster, M.L., Kawakami, K., Shin-I, T., Kohara, Y., Kuroki, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Hamaguchi, S., Sakaizumi, M., and Naruse, K. (2014). Co-option of Sox3 as the male-determining factor on the Y chromosome in the fish *Oryzias dancena*. *Nat Commun* 5, 4157.

Nikaido, M., Noguchi, H., Nishihara, H., Toyoda, A., Suzuki, Y., Rei Kajitani, R., Suzuki, H., Okuno, M., Aibara, M., Ngatunga, B.P., Mzighani, S.I., Kalombo, H.W.J., Masengi, K.W.A., Tuda, J., Nogami, S., Maeda, R., Iwata, M., Abe, Y., Fujimura, K., Okabe, M., Amano, T., Maeno, A., Shiroishi, T., Itoh, T., Sugano, S., Kohara, Y., Fujiyama, A., and Okada, N. (2013). Coelacanth genomes reveal signatures for evolutionary transition from water to land. *Genome Res* 23, 1740-1748.

Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, Z.X., Wang, A., Zhao, Q., Zhao, Y., Liu, K., Lu, H., Li, W., Guo, Y., Lu, Y., Zhou, C., Fan, D., Weng, Q., Zhu, C., Huang, T., Zhang, L., Wang, Y., Feng, L., Furuumi, H., Kubo, T., Miyabayashi, T., Yuan, X., Xu, Q., Dong, G., Zhan, Q., Li, C., Fujiyama, A., Toyoda, A., Lu, T., Feng, Q., Qian, Q., Li, J., and Han, B. (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature* 490, 497-501.

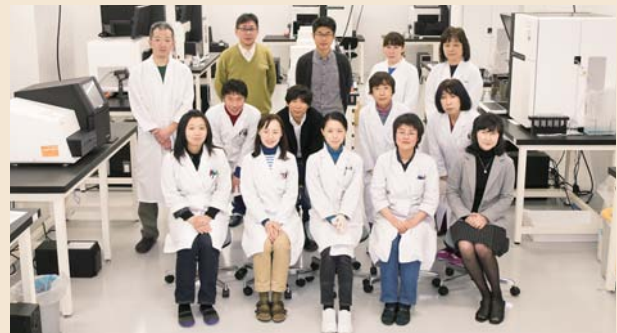
Comparative Genomics Laboratory 比較ゲノム解析研究室

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/research/organization-top/laboratories/toyoda>

Toyoda Group 豊田研究室



TOYODA, Atsushi
 Project Associate Professor
 豊田 敦 特任准教授



Unveiling microbial community dynamics

微生物ゲノム進化と群集ダイナミクスの解明



陸上蛇紋岩熱水系からの微生物サンプリング、メタゲノム解析。
Exploring microbial diversity in a continental serpentinite-hosted hydrothermal system.

生命の進化と地球の進化は密接に関係していますが、その共進化の痕跡は生物のゲノムに残されています。本研究室では、バイオインフォマティクスを駆使した微生物のゲノム・メタゲノム解析や統合データベース「MicrobeDB.jp」を武器として、生命科学や地球科学などからもたらされる多元情報を統合的に解析することで、微生物の進化、微生物群集ダイナミクスさらには生命と地球の共進化をゲノムレベルで解き明かす研究を進めています。

In our laboratory, we are interested in understanding about microbial genome evolution and microbial community dynamics, and we are currently reaching out in the following two major research directions; I. Facilitate the development of an integrated database “MicrobeDB.jp”, II. Microbial community dynamics. Our research interests blend a background in microbial genomics and metagenomics with bioinformatics and integrated database developments that are just now allowing the prospect of illuminating microbial community dynamics. We are trying to gain a better understanding of how microbial diversity maintain as well as how it emerged.

Selected Publications

Hori, K., Maruyama, F., Fujisawa, T., Togashi, T., Yamamoto, N., Seo, M., Sato, S., Yamada, T., Mori, H., Tajima, N., Moriyama, T., Ikeuchi, M., Watanabe, M., Wada, H., Kobayashi, K., Saito, M., Masuda, T., Sasaki-Sekimoto, Y., Mashiguchi, K., Awai, K., Shimojima, M., Masuda, S., Iwai, M., Nobusawa, T., Narise, T., Kondo, S., Saito, H., Sato, R., Murakawa, M., Ihara, Y., Oshima-Yamada, Y., Ohtaka, K., Satoh, M., Sonobe, K., Ishii, M., Ohtani, R., Kanamori-Sato, M., Honoki, R., Miyazaki, D., Mochizuki, H., Umetsu, J., Higashi, K., Shibata, D., Kamiya, Y., Sato, N., Nakamura, Y., Tabata, S., Ida, S., Kurokawa, K., and Ohta, H. (2014). *Klebsormidium flaccidum* genome reveals primary factors for plant terrestrial adaptation. *Nat Commun* 28, 3978.

Kato, H., Mori, H., Maruyama, F., Toyoda, A., Oshima, K., Endo, R., Fuchu, G., Miyakoshi, M., Dozono, A., Ohtsubo, Y., Nagata, Y., Hattori, M., Fujiyama, A., Kurokawa, K., and Tsuda, M. (2015). Time-series metagenomic analysis reveals robustness of soil microbiome against chemical disturbance. *DNA Res* 22, 413-424.

Higashi, K., Tobe, T., Kanai, A., Uyar, E., Ishikawa, S., Suzuki, Y., Ogasawara, N., Kurokawa, K., and Oshima T. (2016). H-NS Facilitates Sequence Diversification of Horizontally Transferred DNAs during Their Integration in Host Chromosomes. *PLoS Genet* 20, e1005796.

Genome Evolution Laboratory ゲノム進化研究室

Kurokawa Group 黒川研究室



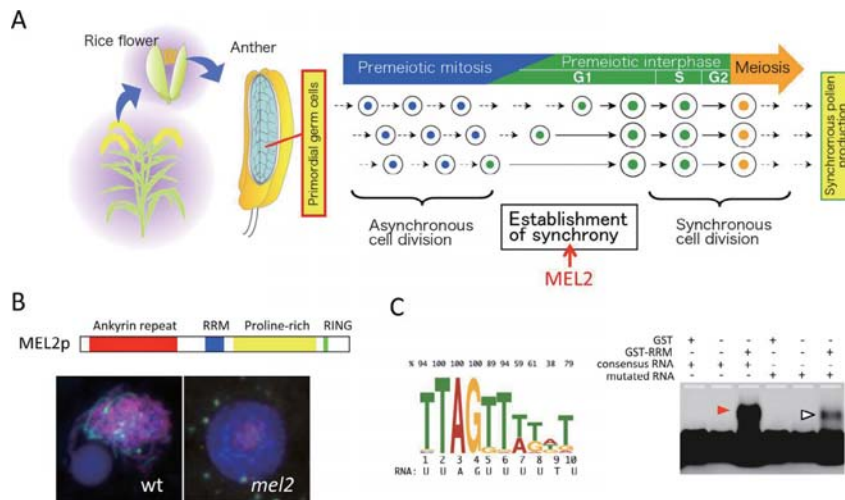
KUROKAWA, Ken
Professor
黒川 顕 教授

<http://microbedb.jp/>



Molecular cytogenetics of plant germ-cell development

植物の生殖細胞発生過程の分子細胞遺伝学



減数分裂への移行タイミングを制御するイネ MEL2 遺伝子

(A) 雄性生殖細胞の分裂周期は筋内で非同調的だが、減数分裂直前に同調化する。イネ MEL2 は同調化プロセスを含む減数分裂移行を制御する。(B) MEL2 は中央に RNA 認識ドメイン (RRM) をもつ。正常イネでは減数分裂が進行し、PAIR2 (赤) と ZEP1 (緑) が染色体に結合するが、変異体では結合しない。(C) MEL2 の RRM は U リッチな RNA 配列と in vitro で結合する。

Rice MEL2 that regulates meiosis transition timing

(A) Germ cells are proliferated asynchronously in anthers, but synchronized by premeiotic S phase. Rice MEL2 regulates meiosis transition including synchronous male meiosis. (B) MEL2 had an RNA recognition motif (RRM). In the wild type, meiotic proteins PAIR2 (magenta) and ZEP1 (green) were loaded onto chromosomes, but not in the mel2 mutant. (C) MEL2 RRM bound to a U-rich RNA sequence in vitro.

減数分裂は、両親の遺伝子が組換えによりシャッフルされ、新しい遺伝子組み合わせをもつ染色体が創出される、正に遺伝の根幹を為す現象です。被子植物の減数分裂細胞は、花の各器官の形成が完了した直後に、雄蕊および雌蕊の原基内部で分化する生殖始原細胞が数回の体細胞分裂を経ることにより形成されます。私たちは主にイネの突然変異体を用いて、植物の生殖細胞がどのように分化し、維持されて減数分裂に至るのかについて、細胞レベルの観察や分子レベルの解析など幅広い手法を駆使して研究しています。

Meiosis is a central event of genetic inheritance, since it generates a new gene combination different from that of parents by homologous recombination. Meicytes of angiosperm species are produced by several rounds of mitotic division of primordial germ cells, which differentiate at hypodermis of anther (male) and pistil (female) primordia. How do plants differentiate and maintain germ cells subsequent to floral development, and how do they achieve meiosis? We aim to settle these questions by means of various techniques from cytological observation to molecular level analyses, mainly using rice mutants.

Selected Publications

Miyazaki, S., Sato, Y., Asano, T., Nagamura, Y., and Nonomura, K. (2015). Rice MEL2, the RNA recognition motif (RRM) protein, binds in vitro to meiosis-expressed genes containing U-rich RNA consensus sequences in the 3'-UTR. *Plant Mol Biol* 89, 293-307.

Nonomura, K., Eiguchi, M., Nakano, M., Takashima, K., Komeda, N., Fukuchi, S., Miyazaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2011). A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS Genet* 7, e1001265.

Komiya, R., Ohyanagi, H., Niihama, M., Watanabe, T., Nakano, M., Kurata, N., and Nonomura, K. (2014). Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J* 78, 385-97.

Nonomura Group 野々村研究室



NONOMURA, Ken-ichi
Associate Professor
野々村賢一 准教授



TSUDA, Katsutoshi
Assistant Professor
津田勝利 助教



Large-scale chromatin structure and dynamics

クロマチンの高次構造とダイナミクス

私たちはクロマチンがどのように間期や分裂期染色体に折り畳まれ、そして染色体がどのように組織化され、そのダイナミックな振る舞いが、DNAの機能に、どのように影響を及ぼしているのかに注目して研究をおこなっています。

Our research focuses on how chromatin folds into interphase and mitotic chromosomes, how chromosomes are organized and move within interphase nuclei, and how chromosome organization and dynamics impact DNA functions.

Chromosome folding

染色体の折りたたみ構造

染色体が折り畳まれるメカニズムを理解するために、Chromosome Conformation Capture法を開発し、この方法をゲノムワイドで適用しています。染色体が折り畳まれるために必要な分子あるいは物理的な基本原理の理解が可能になります。

To understand how long chromosomes are folded to fit inside the nucleus, we developed Chromosome Conformation Capture. Using this method we have started to uncover molecular and physical principles that determine chromosome folding.

Division of Nucleic Acid Chemistry 核酸化学客員研究部門

Belmont Group Belmont研究室

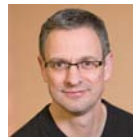

<http://mcb.illinois.edu/faculty/profile/asbel/>

BELMONT, Andrew S.
Visiting Professor (Professor, University of Illinois at Urbana-Champaign)

ベルモント, アンドリュー S.
客員教授 (イリノイ大学教授)

Division of Nucleic Acid Chemistry 核酸化学客員研究部門

Dekker Group Dekker研究室


<http://my5c.umassmed.edu/welcome/welcome.php>

DEKKER, Job
Visiting Professor (Professor, University of Massachusetts Medical School)

デッカー, ジョブ
客員教授 (マサチューセッツ医科大学教授)

Development of technologies for genome editing and optogenetics

ゲノム編集と光遺伝学のための新規技術開発

私たちは、健康・疾患状態の脳機能を研究するため、ゲノム編集、光遺伝学のテクノロジー開発・応用を行っています。これらの新規技術が、私たちの脳疾患とその治療に対する理解を深めてくれることを期待しています。

Our group is developing and applying molecular and optical technologies for probing brain function in health and disease. We hope that these new approaches will improve our understanding and treatment of brain diseases.

Division of Cytoplasmic Genetics 細胞質遺伝客員研究部門

Zhang Group Zhang研究室


<http://zlab.mit.edu>

ZHANG, Feng
Visiting Associate Professor (Assistant Professor, McGovern Institute for Brain Research at MIT)

チャン, フェン
客員准教授 (マサチューセッツ工科大学マクガヴァン脳研究所助教授)

DNA Replication: Mechanism, Regulation and Misregulation

DNA複製:メカニズム、制御、破綻

酵母と哺乳動物細胞の遺伝学的・細胞生物学的手法と精製タンパク質からの再構成系を用いて、細胞周期ごとにどのようにゲノムが効率よく完全に複製されるのかを理解することを目標としています。

We aim to understand how our genomes are replicated efficiently and completely in each cell cycle using biochemical reconstitution with purified proteins alongside genetics and cell biology in yeast and mammalian cells.

Division of Cytoplasmic Genetics 細胞質遺伝客員研究部門

Diffley Group Diffley研究室


<http://www.crick.ac.uk/john-diffley>

DIFFLEY, John F.X.
Visiting Professor (Associate Research Director, The Francis Crick Institute)

ディフリー, ジョン F.X.
客員教授 (フランスクリック研究所アソシエイトリサーチディレクター)

Organogenesis in vertebrates

脊椎動物の器官形成

私たちは、中胚葉由来 (心臓・血管系) および内胚葉由来 (膵臓・肺・肝臓) の臓器の器官形成研究を行っています。私たちの目的のひとつは、脊椎動物の器官形成を単一細胞レベルで理解することです。

We investigate questions related to organogenesis of mesodermal (heart, vasculature) and endodermal (pancreas, lung, liver) organs using zebrafish and mouse. One goal of our studies is to gain understanding of vertebrate organ development at the single-cell level.

Division of Physiological Genetics 生理遺伝客員研究部門

Stainier Group Stainier研究室


<http://www.mpi-hlr.de/index.php?id=18&L=1>

STAINIER, Didier
Visiting Professor (Director, MAX Planck Institute)

スタニア, デイディエ
客員教授 (マックスプランク研究所ディレクター)

Brain circuit mapping and cell type characterization

脳回路のマッピングと神経細胞多様性の解析

マウス視覚系回路における神経細胞の多様性を分子生物学的、解剖学的、生理学的に明らかにし、それらの神経細胞の脳全体における結合様式を解明することを目指しています。

We aim to unravel the diversity of neuronal cell types in the mouse visual circuits at molecular, anatomical and physiological levels, and their connectivity throughout the brain.

Division of Physiological Genetics 生理遺伝客員研究部門

Zeng Group Zeng 研究室



<http://alleninstitute.org/our-institute/our-team/profiles/hongkui-zeng/>

ZENG, Hongkui
Visiting Professor (Senior Director, Allen Institute for Brain Science)
ゼン, ホンクイ
客員教授 (アレン脳科学研究所シニアディレクター)

Computational population genomics

計算集団遺伝学

ゲノムデータ解析による集団の人口変動と淘汰パターンの推定および、居住域拡大による中立進化と遺伝子の機能に関連したゲノム多様性への影響の解析を行っています。

Analysis of genomic data to infer population demographic history and patterns of selection. Describe the effects of range expansions on neutral and functional genomic diversity.

Division of Theoretical Genetics 理論遺伝客員研究部門

Excoffier Group Excoffier 研究室



http://www.cmpg.lee.unibe.ch/content/about_us/researchers/laurent_excoffier

EXCOFFIER, Laurent
Visiting Professor (Professor, University of Bern)
エクスコフィア, ローレント
客員教授 (ベルン大学教授)

Developing methods for evolutionary analyses of DNA and protein sequences

DNA 及びタンパク質配列の進化を解析するための方法論の開発

種間系統樹を作成するための統計モデル・メソッドの開発、および特に適応進化に注目した分子進化メカニズムの研究を行っています。また集団遺伝学の理論的研究もを行っています。

I am interested in developing statistical models/methods for reconstructing species phylogenies and in understanding the mechanisms of molecular evolution, especially adaptive evolution. I am also interested in theoretical population genetics.

Division of Theoretical Genetics 理論遺伝客員研究部門

Yang Group Yang 研究室



<http://abacus.gene.ucl.ac.uk/ziheng/>

YANG, Ziheng
Visiting Professor (Professor, University College London)
ヤン, ジーヘン
客員教授 (ユニヴァーシティ・カレッジ・ロンドン教授)

Human genetic variation and disease

ヒトゲノム変異と病気

私どもの研究室はさまざまな疾患遺伝子について研究してきました。それらはメンデル型遺伝病から複合疾患にいたります。同時に mobile element の病気への関与および集団遺伝学的観点からの研究を行っています。

We study human genetic variation to make inferences about human evolutionary history and to understand the ways in which genes contribute to disease.

Division of Applied Genetics 応用遺伝客員研究部門

Jorde Group Jorde 研究室



<http://jorde-lab.genetics.utah.edu>

JORDE, Lynn
Visiting Professor (Professor, University of Utah School of Medicine)
ジョーデ, リン
客員教授 (ユタ医科大学教授)

Evolution and function of DNA methylation

DNA メチル化の機能と進化

真核生物における DNA メチル化および関連したクロマチン経路について、その進化、制御機構、生物学的役割を研究しています。

We study the evolution, mechanism, and biological function of eukaryotic DNA methylation and related chromatin pathways.

Division of Applied Genetics 応用遺伝客員研究部門

Zilberman Group Zilberman 研究室

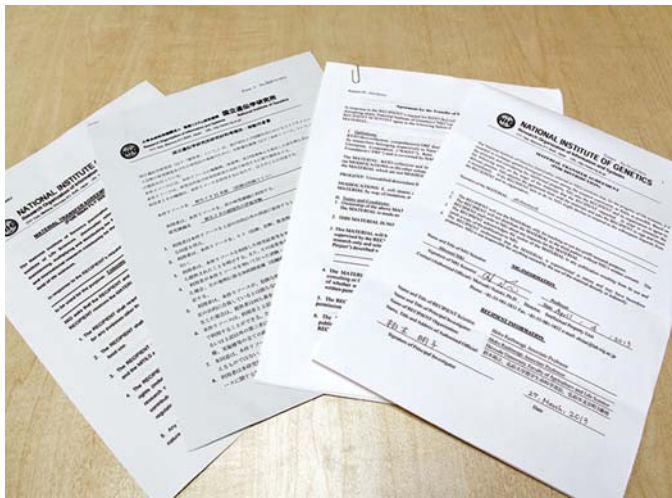


<http://dzlab.pmb.berkeley.edu/>

ZILBERMAN, Daniel
Visiting Associate Professor (Associate Professor, University of California, Berkeley)
シルバマン, ダニエル
客員准教授 (カリフォルニア大学バークレー校副教授)

Communicate research findings at NIG with the outer world

研究成果の知財マネジメント・技術移転・産学連携を進め、社会連携を行う。円滑な研究成果の流通のための大学支援の課題に対応する。



(2015年度実績)

知的財産 IP	件数 QUANTITY
国内出願 Patent application	5件
国際出願 International application	4件
ライセンス契約 License agreement	11件
MTA Material Transfer Agreement	1,125件

遺伝研の研究成果による技術移転・共同研究などにより、産学連携を積極的に進めています。知財・生物遺伝資源・研究データの円滑な流通を第一に、知財面・契約面での管理・運営・交渉を行っています。HP・展示会等により研究成果を積極的に社会に発信し、産学連携・社会連携・地域連携を進め、さらに、教育機関に対する科学啓蒙活動や教育支援として研究所見学や出前授業などを行っています。また、大学等への支援活動として、生物多様性条約及び名古屋議定書に基づいた海外遺伝資源に関するアクセスと利益配分（ABS）への大学等の対応について啓発・支援活動を行っています。

Our mission is to promote and support the research of NIG researchers from the perspective of intellectual property and; to give back the benefits of research results to society by knowledge and technology transfers through the collaboration with societies, local communities, and industries.

We are mainly engaged in providing a full support to enable our researchers smoothly obtain materials and genetic resources from overseas and managing our intellectual property derived from research by patenting, maintaining, and licensing. We focus on facilitating favorable environment for our researchers to collaborate with industries and developing an appropriate way to handle copyrights of digital contents. We also play an active role as ABS Task Force Team for Academia to support and promote the research utilization of genetic resources.

Selected Publications

鈴木睦昭 (2014). 学術研究分野における名古屋議定書の国内措置検討の課題 植物科学最前線 5, 67-73.

鈴木睦昭 (2013). 遺伝資源のアクセスと利益配分に関する名古屋議定書の国内措置の現状—特に学術における課題について— Microbiol Cult Coll 29, 113-120.

鈴木睦昭 (2014). 「研究成果有体物と遺伝資源に関する円滑な流通に向けて—課題分析と今後の課題解決の展望—」 知的財産イノベーション研究の諸相 p114-125. コンテンツセンター出版

Intellectual Property Unit

知的財産室



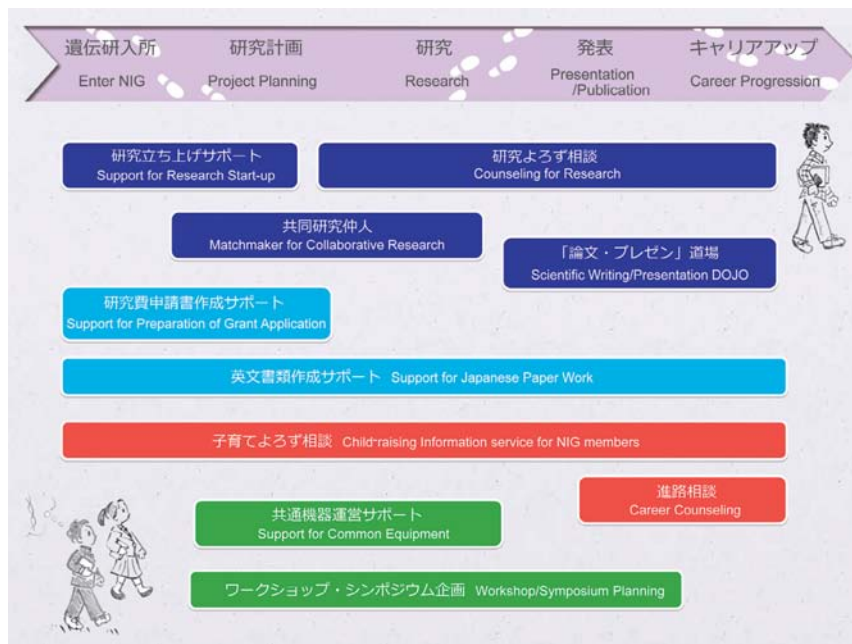
SUZUKI, Mutsuaki
Director
鈴木睦昭 室長

<https://www.nig.ac.jp/labs/IntProp>



Strengthening and support of research

研究力の強化・支援



リサーチ・アドミニストレーター室 (ORD) は、研究に携わる人材がその能力を最大限に発揮し、さらに能力を伸ばすための活動をしています。

ワークショップ企画や異分野交流の仲介、論文発表やプレゼンテーションについての議論や助言、研究費申請のサポート、国際連携活動、共通機器の運用支援などを通じ、研究者が新しいアイデアに挑戦するための手助けをします。このような活動が遺伝研の優れた研究環境や活発な研究交流と相乗効果を及ぼして研究者コミュニティの研究力が向上することを目指しています。研究所の広報活動や IR (Institutional Research) 活動も担当しています。

Office for Research Development (ORD) offers various help to those involved in research.

Our activities include organizing workshops, mediating collaborative research, discussion and advice on manuscripts and scientific presentations, grant-application support, arrangements of international cooperation, and research-infrastructure support. Synergizing with the superb research environment and the interactive atmosphere of NIG, we aim to contribute to the strengthening of research activity of the scientific community. ORD also takes part in the public relationship and IR (Institutional Research) of the institute.

Writings and Talks

Hiromi, Y. (2016). Workshops on Scientific Communication "The 'NIG Method': Fostering Scientific Critical Thinking through Presenting your Science". IISER Pune and NCBS Bangalore; India, Shandong Agricultural University and Fudan University; China (2016.1.29, 2.3, 3.22, 3.28)

伊東真知子 (2014). 学際研究の萌芽をいかに促すか：生命科学の事例から 研究 技術 計画 29, 144-159.

平田たつみ, タジ・ゴルマン, 広海 健 (2016). 「遺伝研メソッドで学ぶ科学英語プレゼンテーション—感じる力、考える力、討論する力を育てる」 dZERO.

Office for Research Development

リサーチ・アドミニストレーター室

<https://www.nig.ac.jp/labs/ORD/index.html>


HIROMI, Yasushi
Director
広海 健 室長



KURUSU, Mitsuhiko
Research Administrator
来栖光彦
リサーチ・アドミニストレーター



SEINO, Hiroaki
Assistant Professor
清野浩明 助教



Database Center for Life Science (DBCLS)

ライフサイエンス統合データベースセンター

ライフサイエンス分野では、世界中で数千をこえる多様なデータベース(DB)が公開されており、その活用が研究の進展に不可欠になっています。しかし、「必要なDBが見つからない」「使い方がわからない」「データを組み合わせた高度な解析ができない」など、DBの効率的な利用のための環境整備は充分ではありません。本センターはDB統合化の中核組織として平成19年に機構直轄のセンターとして設置され、以来、DBの統合化と保全に努め、利用者の利便性を高める情報技術の研究開発やサービスの開発、DBの国際標準化を行ってきました。本センターはまだ専用の施設がなく、平成26年度に柏の東京大学施設に移転しましたが、同時に一部を遺伝研内に移しました。ビッグデータの有効活用の点からDDBJセンター等とのシナジーを発揮したいと考えています。

In life science, thousands of database(DB)s are publicly available worldwide, and become indispensable. However, many comments from users complaining the hard-to-use DBs suggest that these DBs and the surrounding environment are not sufficiently refined. DBCLS was established in ROIS in 2007 as a core organization of DB integration, and has been aiming to solve these issues through R&D for DB reusability, international DB standardization and various training programs. In 2014, while the main lab of DBCLS moved to Kashiwa, some members moved to NIG as the Mishima lab. It is highly expected to maximize the synergy with DDBJ in effective use of Big Data.

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG

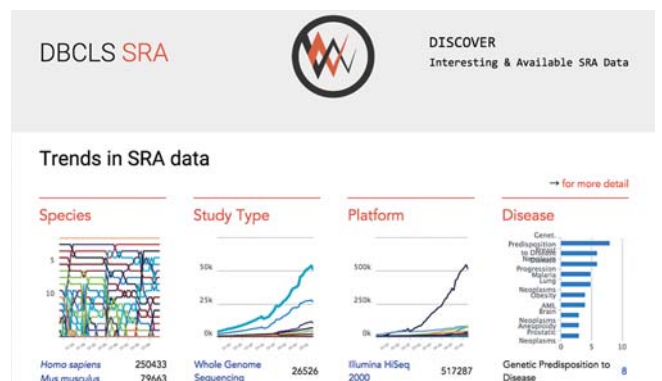


左から、小野、坊農、仲里、内藤、大田。

Ono, Bono, Nakazato, Naito, Ohta (from left)

BONO, Hidemasa Project Associate Professor
 坊農秀雅 特任准教授
 NAITO, Yuki Project Assistant Professor
 内藤雄樹 特任助教
 OHTA, Tazro Researcher
 大田達郎 研究員

ONO, Hiromasa Project Assistant Professor
 小野浩雅 特任助教
 NAKAZATO, Takeru Project Assistant Professor
 仲里猛留 特任助教



公共データベース (SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]) に登録された「次世代シーケンサ」データについて、さまざまな統計情報から閲覧、比較、データのダウンロードができる目次サイト DBCLS SRA (<http://sra.dbcls.jp/>)

DBCLS SRA (<http://sra.dbcls.jp/>) is a highly organized index website of huge quantities of next-generation sequencing data available at public databases (SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]). Users can download NGS data after browsing, comparing, and selecting them in various aspects.



Intellectual Infrastructure and Collaborative Research

共同利用・共同研究

Genetic Resource Center

生物遺伝資源センター

生物遺伝資源センターは、バイオリソース事業部とデータベース事業部の2部門で以下の内容の事業を進めています。バイオリソース事業部では、大腸菌/枯草菌、イネ、マウス、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュ、線虫、ヒドラなどの生物種について、生命科学を先導する様々な有用実験生物系統を開発するとともに、野生種系統の解析や情報整備も行い、それらの安定維持と国内外の大学や研究機関への分譲サービスを行っています。またデータベース事業部では、これらのバイオリソースに関する情報を、関連する知識情報とともに下記公開サイトから世界中に発信しています。特に、大腸菌/枯草菌、イネ、ショウジョウバエ、ゼブラフィッシュでは、内閣府の日本医療研究開発機構のナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) に参画し、各生物種の中核またはサブ機関として活動しています。さらにデータベース事業部は、NBRPの情報センターとしての役割も果たしており、国内のバイオリソース関連情報発信の中核として活動しています。

The Genetic Resource Center is composed of two divisions of "Bioresource Division" and "Database Division". The Bioresource Division takes responsibility for development, preservation and distribution of forefront bioresources of various organisms including *E. coli/B. subtilis*, Rice, Mouse, *Drosophila*, Zebrafish, *C. elegans* and *Hydra*, and of collected wild species of those organisms. The Database division makes the above information available to the public through web sites shown below. The BRC/NIG participates actively in the "National Bioresource Project (NBRP)" under the organization of Japan Agency for Medical Research and Development (AMED), in the Cabinet Office of Government of Japan, and takes a role for management of *E. coli/B. subtilis*, Rice, *Drosophila* and Zebrafish as central or sub-central organization for each organism in the project. Furthermore, the Database Division also contributes to NBRP as the national center of bioresource information, by taking responsibility for development and management of the relevant databases.

遺伝研のマウス系統 NIG Mouse Genetic Resources shigen.nig.ac.jp/mouse/nig/



遺伝研のヒドラ系統 Hydra Genetic Resources nig.ac.jp/labs/OntoGen/keitou.html



遺伝研のゼブラフィッシュ 遺伝子・エンハントラップ系統 Zebrafish Gene trap & enhancer trap DB kawakami.lab.nig.ac.jp/ztrap/



マウス系統間 SNP 情報 NIG Mouse Genome Database molossinus.lab.nig.ac.jp/msmdb/



ナショナルバイオリソースプロジェクト情報公開サイト National BioResource Project HP nbrp.jp



イネ総合データベース Integrated Rice Science Database shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/



日本のマウス系統 Japan Mouse/Rat Strain Resources Database shigen.nig.ac.jp/mouse/jmsr/



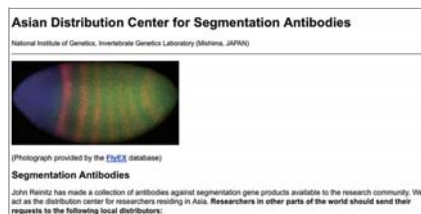
遺伝研のショウジョウバエ系統 NIG Fly Stocks shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/



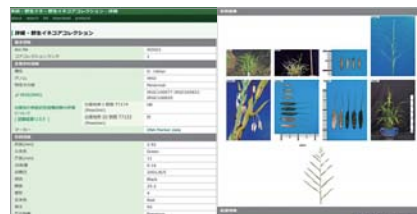
遺伝研の大腸菌リソース NBRP E.coli Strain shigen.nig.ac.jp/ecoli/strain/



ショウジョウバエ・体節形成蛋白質抗体 Asian Distribution Center for Segmentation Antibodies shigen.nig.ac.jp/fly/nigfly/segmentationAntibodies/index.html



遺伝研の野生イネ系統データベース NIG Wild Species of Rice; Strain Database shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/strain/wildCore/about



遺伝研の枯草菌リソース NBRP Bacillus subtilis shigen.nig.ac.jp/bsub



Advanced Genomics Center

先端ゲノミクス推進センター

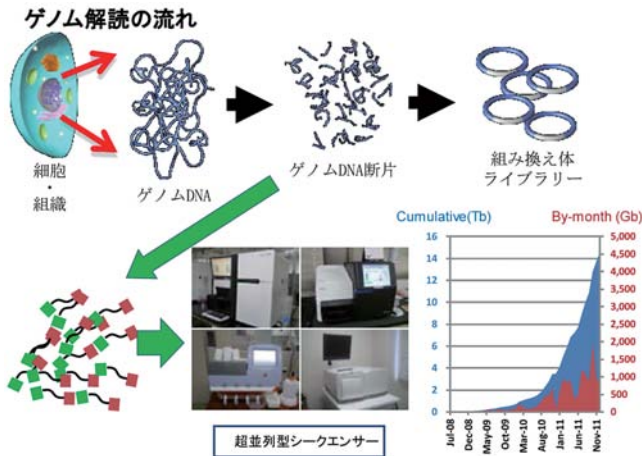
国立遺伝学研究所は、学術コミュニティからの大規模ゲノム解析の要望に応え、国内唯一のアカデミアDNA シークエンスセンターを運用してきました。この間、メダカゲノム、ホヤゲノム、原始紅藻ゲノムの構造決定や、各種の生物を対象としたcDNA 解析など多くの成果を上げています。

2011年10月に設立された先端ゲノミクス推進センターは、コミュニティからの高度なゲノム解読の要請に対し、最新のゲノム解析技術を基盤とした先端的ゲノム科学研究の共同利用・共同研究拠点として活動を進めています。

■ 先端ゲノミクス推進センターの活動

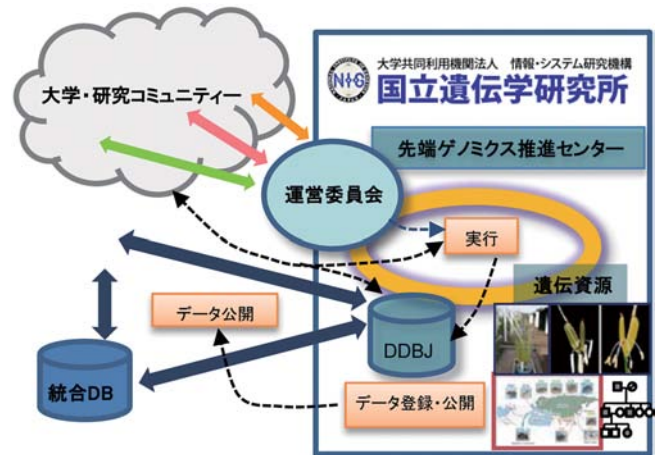
- ゲノム情報解析パイプラインの開発と提供
- 所内外との連携による共同利用・共同研究の推進
- 情報共有と情報セキュリティ体制の確立
- 生命研究各分野への先端ゲノミクスの応用と支援
- 先端ゲノミクス分野の人材育成

■ 大学や他の研究機関と連携して、さまざまな生物種のゲノムや遺伝子の配列解析を行っています



Advanced Genomics Center was established October 1st., 2011, with the aim to combine the latest genomics technology, i.e., next generation sequencing, for example, and the genetic resources, that have been collected and constructed throughout the history of this institute, to create resources for new-generation genetics. Since such resources should have links among biological (phenotypic) annotations, data from genetic as well as genomic researches, this center will work closely with other laboratories of Genetic Strains Research Center, and research communities around the country. This center is also expected to become core facility for research communities to provide latest technologies and tools of the present-day genomics. To answer the expectations and heavy demand of genome analyses from the universities and research communities, the target projects that will be conducted in this center will be chosen through NIG's Collaborative Research Program that is open to researchers outside of NIG.

■ 共同研究・共同利用の流れ

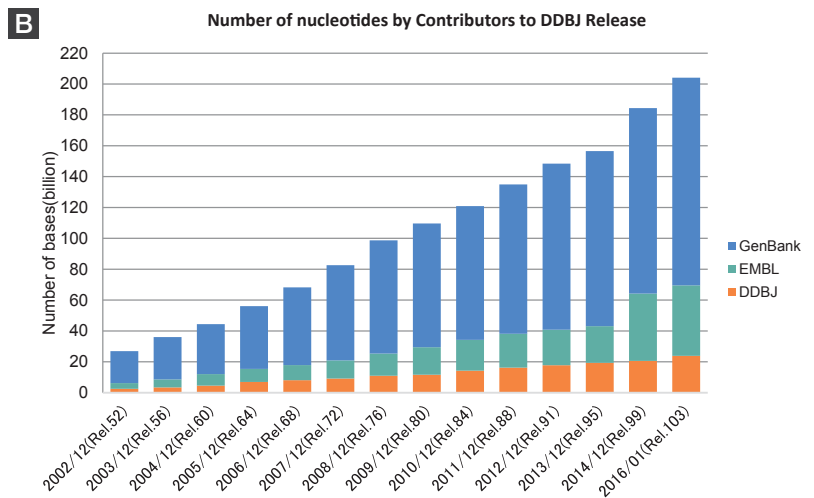
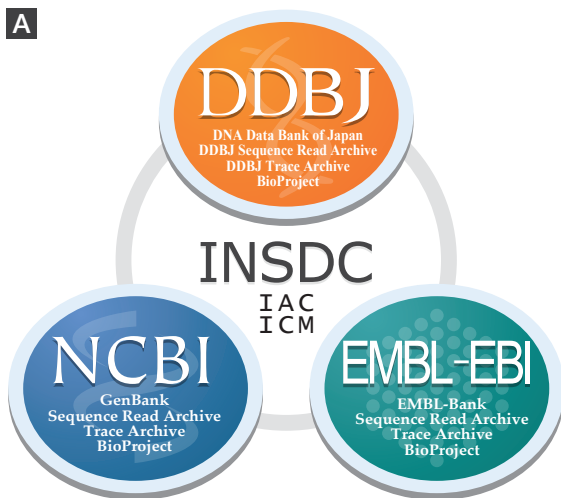


■ 先端ゲノミクス推進センターは、常に最先端の技術と情報をコミュニティに提供できるよう施設の整備を進めています。



DDBJ Center

DDBJセンター



DDBJ (DNA Data Bank of Japan) は1987年に設立され、学術論文や特許公報等を通じて告知にされる塩基配列データをすべて網羅し、世界の公共財として維持管理する国際学術事業を行っています。

この事業は、米国のNCBIおよび欧州のENA/EBIとの3者の協力体制で行われており、3者の間では受付後公開されるデータは毎日交換され、世界共通のデータベース『INSD国際塩基配列データベース』が作られます。

またDDBJ事業は所外委員会であるDNAデータ研究利用委員会に加えてNCBI, EBI, DDBJがそれぞれ委嘱する外部委員会である国際諮問委員会によって監督されています (パネルA)。

2009年からは次世代シーケンサからの出力データを収集するSequence Read Archiveと従来のシーケンサからの出力データを収集するTrace ArchiveもINSDCのメンバーに加わりました。

DDBJの日々の事業は、受付査定・データ交換・データ更新・データ提供の4つの柱からなり、教員の指導下で10数名ずつのエンジニアとアノテーターを中心に行われています。DDBJへは毎年3000~4000の研究グループがデータ登録し、件数では全INSDの10%強を占めています (パネルB)。

また日本・米国・欧州の特許庁の協力による特許配列の公開事業でも集積交換公開に国際塩基配列データベースが利用されており、日本に加えて韓国特許庁由来のデータも韓国バイオインフォマティクス研究所 (KOBIC) の協力でDDBJに登録されます。

DDBJへ登録する研究者は国内の研究者が中心ですが、アジア諸国や中近東の研究者も含まれます。

また、2013年より科学技術振興機構 (JST) と共同でヒトに関する研究データ共有のための制限公開データ用データベース (JGA) の運用を開始しています。

DDBJホームページ (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)
Sequence Read Archive など (<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/>)
問い合わせ (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/addresses-j.html>)

DDBJ (DNA Data Bank of Japan) was established in 1987 and joined international data exchange and archiving scheme between NCBI and ENA/EBI. This tripartite collaboration is called INSDC (International Nucleotide Sequence Database Collaboration).

DDBJ, as well as NCBI and EBI, is serving as one of three data inlet and outlet to the "INSD".

DDBJ is reviewed and advised by its own advisory board and also by international advisory committee to INSDC (panel A).

In 2009, INSDC added a collaborative meeting to deal with mass sequence data produced by the "next" generation sequencers (Sequence Read Archive) and traces produced by traditional sequencers (Trace Archive).

Daily operation of DDBJ is performed by about 10 bio-annotators and system engineers under staffs' supervision. Every year, sequence data are submitted to DDBJ by almost constant number of groups, 3,000~4000, for the last 10 years. It always consists about 10% of INSD records (panel B).

Since 1993, sequences related to patent claims are also submitted to DDBJ by Japan Patent Office because INSD is used as a framework of sequence data exchange among JPO, USPTO and EPO. In 2008, KIPO started to join this data sharing though DDBJ with help of Korean Bioinformatics Institute.

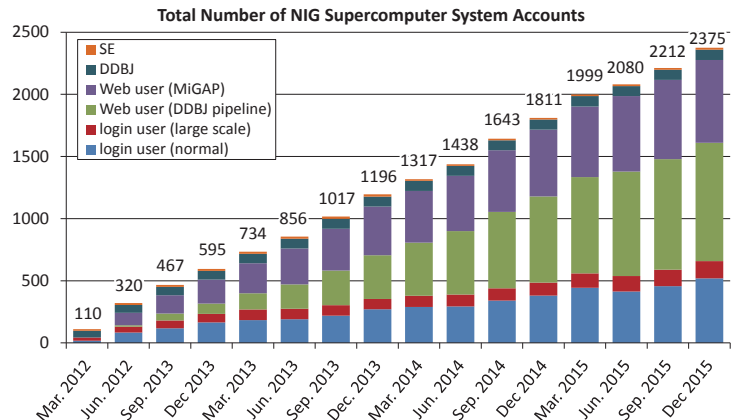
Researchers who use DDBJ to add their data in INSD have been mostly Japanese (>90% of Japanese submit the data to DDBJ), but recently researchers in neighboring countries also use DDBJ to some extent.

In 2013, DDBJ started a controlled access database, Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA) in collaboration with JST.

DDBJ web (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>)
Sequence Read Archive, etc (<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/>)
Contact Us (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/addresses-e.html>)

NIG Supercomputer System

国立遺伝学研究所スーパーコンピュータシステム



遺伝研は国際塩基配列データベース (INSD) 構築のための計算インフラの提供および大学共同利用機関として計算機資源を国内の研究者に提供することを目的としてスーパーコンピュータシステムの運用を行っています。また2013年から個人に由来する遺伝学的データと匿名化された表現型情報の制限公開データベース (JGA) 構築のための計算インフラの提供を開始しています。

遺伝研スパコンは生命系に特化した解析環境や充実した公共データの提供が特徴となっています。大規模なデータ解析を可能とするために大型の高速ストレージシステム (Lustre ファイルシステム) 7PB を持ち、これが最新鋭の分散メモリ型計算機システム (thin 計算ノード) と共有メモリ型計算機システム (Medium 計算ノード, Fat 計算ノード) から利用可能となっています。さらに INSD および JGA のデータを保存するための省電力ディスク 5.5PB を備えています。(下表参照)

ユーザーは随時受け付けており、ログインサービスの他、次世代シーケンサーの解析パイプライン (DDBJ read pipeline) および微生物のゲノムアノテーションパイプライン (MiGAP) が利用可能となっています。詳細は遺伝研スパコンホームページ (<http://sc.ddbj.nig.ac.jp>) をご参照ください。

NIG operates a supercomputing system that serves as the infrastructure for building the International Nucleotide Sequence Database (INSD) and providing domestic researchers with computing resources as a member of the Inter-University Research Institute Corporation. Furthermore, beginning in 2013, NIG has opened its computing infrastructure to build the Japanese Genotype-Phenotype Archive (JGA), a controlled-access database containing genetic data and anonymized phenotype information of individuals.

NIG Supercomputer System features a specialized analysis environment for the field of life science and provides a rich set of public data. It includes a massive and fast storage system (using the Lustre file system) with 7 PB capacity that enables large-scale data analysis. The infrastructure is accessible from its state-of-the-art distributed memory computing system (thin computing nodes) and shared-memory computing system (medium and fat computing node). Further, there is a power-saving 5.5 PB storage disk for storing INSD and JGA data (refer to table below).

We are always open for user registration and users can login and use the next-generation sequencer analysis pipeline (DDBJ read annotation pipeline) and genome annotation pipeline for microbes (MiGAP). Please refer to the NIG supercomputer website (<http://sc.ddbj.nig.ac.jp>) for further details.

項目 Items	機器仕様・用途概要 Specifications	導入数量 Amount of hardware
1 Thin 計算ノード Thin node	Memory 64GByte CPU Xeon E5-2670x2 16 Core Memory 64GByte CPU Xeon E5-2680v2x2 20 Core	352 node (64台にGPGPU搭載) 202 node (64台にGPGPU, 32台にXeon Phi搭載)
2 Medium 計算ノード Medium node	Memory 2TByte CPU Xeon E7-4870 x10 80 Core	10 node
3 Fat 計算ノード Fat node	Memory 10TB CPU Intel Xeon E7-8837 768 Core	1 node
4 ディスク装置 (省電力領域) Electric power saving storage	バックアップ、アーカイブ用途 For archive or backup use.	5.5 PByte
5 ディスク装置 (高速領域) High performance storage	並列ファイルシステムLustreにより全計算ノードからの高速並列アクセスが可能なディスク領域。ホーム/scratch領域に利用 Every computing node can access the high performance storage via Lustre file system. This storage used as home area or job scratch area	7 PByte

表1 2012年および2014年導入計算機システム概要 Table1: Computing system installed in 2012 and 2014

Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science

創薬等支援技術基盤プラットフォーム

創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業は、創薬プロセス等に活用可能な技術基盤の整備、積極的な外部開放（共用）等を行うことで、創薬・医療技術シーズ等を着実かつ迅速に医薬品等に結び付ける革新的プロセスを実現することを目的としております。国立遺伝学研究所では、情報拠点としてタンパク 3000 プロジェクト及びターゲットタンパク研究プログラム並びに創薬等支援技術基盤プラットフォームの成果からなるデータベースやソフトウェアを管理・運用します。また、それらを継続的に更新し、内容の拡充や高度化を行います。

高度化では、分担機関である大阪大学蛋白質研究所、東北大学、お茶の水女子大学ならびに東京大学と協力し、新たに創出する情報資源との融合によって、構造生物学と他の生命科学分野の連携の基盤となる「構造生命科学データクラウド」を実現します。

The project titled “Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science” inherits the outcomes of the previous projects in structural biology, consolidates the technology and promotes sharing those core technologies for drug discovery and related life sciences. Through these activities, the project aims to realize a revolutionary process connecting drug and medical seeds to pharmaceutical products.

For this purpose, the project is proceeded in the following three centers; (1) Analysis Center, (2) Regulation Center, and (3) Information Center. Analysis Center consists of Analysis Domain, Production Domain, Bioinformatics Domain and Functional Genomics Domain. Regulation Center consists of Library-Screening Domain and Synthesis Domain. Information Center consists of Information Domain.

遺伝研で研究しているメンバー

Members at NIG



GOJOBORI, Takashi
Project Professor
五條 堀 孝 特任教授



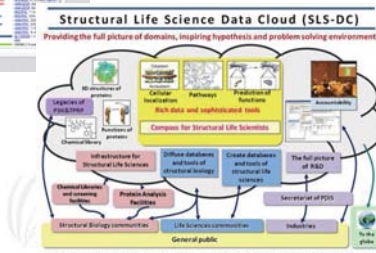
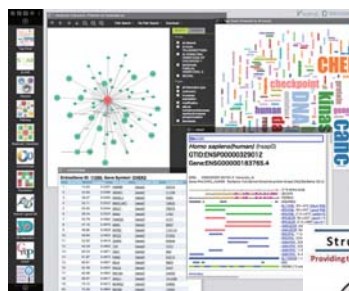
NAKAMURA, Haruki
Project Professor
中村 春木 特任教授



YURA, Kei
Project Professor
由良 敬 特任教授

参加研究機関

大阪大学、東京大学、東北大学、お茶の水女子大学



国立遺伝学研究所は、遺伝学に関する総合研究の中核として、大学、他研究機関との共同研究を積極的に受け入れています。

国内外の研究者に共同利用の機会を提供するため、従前より所内の教員と所外の研究者による「共同研究」及び「研究会」を実施しています。

次頁に示すように、毎年多くの共同研究が行われており、2015年度も計75件の共同研究と計13件の研究会を行い、着実な成果をあげています。

As the central institute to study various aspects of genetics, the National Institute of Genetics (NIG) positively accepts collaborative research between NIG and universities or other institutes. In order to offer collaborative research opportunities to researchers, NIG has been conducting “Collaborative Research” and “Research Meeting” between researchers inside and outside of NIG.

As shown in the next page, many collaborative researches are held every year. In 2015, 75 Collaborative Researches and 13 Research Meetings have been held and achieved excellent results.

▶ Collaborative Research

共同研究

「共同研究」とは、国立遺伝学研究所外の研究者からの申込みに基づき、国立遺伝学研究所内外の研究者数名により、特定の研究課題について共同して行う研究です。次の3種類に分けて募集を行っています。

「共同研究 (A1)」「共同研究 (A2)」に採択されると、実験・討論のために遺伝研を訪問するための旅費・滞在費が支給されます。「共同研究 (B)」では旅費・滞在費及び研究費が支給されます。

Based on the application from researchers outside NIG, NIG researchers collaborate with them for conducting the research on the subject of application. The following three categories are solicited for Collaborative Research [A1], [A2] and [B]. In Collaborative Research [A1] and [A2], travel and accommodation expenses are provided to visit NIG for conducting discussion and experiment. In Collaborative Research [B], travel, accommodation and research expenses are provided.

Defining mitotic roles of Ran-GTP gradient by its rapid depletion using auxin-inducible degron (AID) and CRISPR/Cas-mediated genome editing in human cells

AID法とCRISPR/Casシステムの融合によるヒトRan-GTP濃度勾配の分裂期特異的破壊操作と機能解析

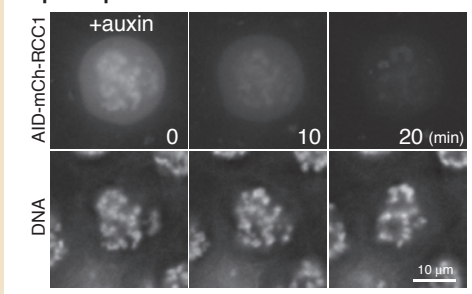
名古屋大学大学院
理学研究科
清光智美 助教

Graduate School of Science,
Nagoya University
KIYOMITSU, Tomomi, Assistant Professor

RanGTP濃度勾配は間期の核-細胞質間輸送のみならず、分裂期においても染色体の位置情報を発信し、紡錘体の形成や配置の制御を担う。本研究では、鐘巻将人博士が考案したオーキシン誘導デグロン (AID) 法を用いて、ヒトRan関連因子を速やかに分裂期で分解し、RanGTP濃度勾配による紡錘体配置制御機構を理解することを目指している。すでにRCC1など数種類のヒトRan関連因子群の分解操作に成功した。

Ran-GTP gradient plays a key role for spindle assembly and positioning during mitosis while it functions nuclear-cytoplasmic transport in interphase. To rapidly deplete Ran-GTP gradient during mitosis, we combine auxin-inducible degron (AID) technology with CRISPR/Cas-mediated genome editing in human cells.

Rapid depletion of RCC1 in mitotic human cells



分裂期でのRCC1タンパク質の分解操作
Rapid depletion of RCC1 in mitosis

▶ Research Meetings

研究会



「研究会」とは、国立遺伝学研究所内外の研究者からの申込みに基づき、国立遺伝学研究所内外の比較的少人数で実施する研究集会です。各研究会では、活発な討論が行われています。

Based on the application from researchers outside of NIG, Research Meetings in small groups are held for information exchange and active discussion.

NIG Collaboration Grant

国立遺伝学研究所は、遺伝学に関する総合研究の中核として、大学、他研究機関との共同研究を積極的に受け入れています。「共同研究 (A1)」、「共同研究 (A2)」に採択されると、実験・討論のために遺伝研を訪問するための旅費・滞在費が支給されます。「共同研究 (B)」では旅費・滞在費及び研究費が支給されます。

共同研究 (A1)

研究課題

- 1 DNA複製開始因子—DNA修復酵素複合体のX線結晶構造解析
- 2 解糖系の亢進によるDNA損傷修復促進機構の解明
- 3 α キメラ欠損による自律神経系神経回路形成及び機能障害の解析
- 4 ゼブラフィッシュ鰓弓筋・体幹筋・心筋の発生機構
- 5 Screening of zebrafish transgenic lines with relevance for development and regeneration of bone
- 6 モヤモヤ病関連因子ミステリンの*in vivo*機能解析
- 7 Screening of Zebrafish Transgenic Lines
- 8 Screening and identification of cardiac subcompartment specific transgenic zebrafish lines
- 9 遺伝子発現誘導能に基づく器官の比較構造解析
- 10 Investigating Neural Circuits of Emotion in Zebrafish
- 11 Screening for transgenic craniofacial developmental model for live-imaging
- 12 ゼブラフィッシュ心臓を用いた心機能異常のスクリーニング系の確立
- 13 NGSデータ解析のための高性能なパイプラインの構築
- 14 日本産アカネズミのゲノム解析
- 15 Evolutionary analysis of gymnosperm plant genomes
- 16 Statistical methods for evolutionary genomic analysis
- 17 環境因子によるエピゲノム変動とその誘発機構を支える分子基盤の解明
- 18 熱活性型トランスポソンの転移とその制御機構の解明
- 19 AID法とCRISPR/Casシステムの融合によるヒトRan-GTP濃度勾配の分裂期特異的破壊操作と機能解析
- 20 MCM結合因子MCM-BPの機能解明
- 21 胚性幹細胞とリプログラミングに於けるゲノム維持機構の解析
- 22 セントロメアでの染色体再編の分子メカニズム
- 23 Proteomic and genetic studies of various dinoflagellates and its associated bacteria
- 24 タンガニイカ湖産鱗魚の利きに関わる遺伝子の同定
- 25 メダカ属の日光応答性進化の遺伝機構
- 26 細胞骨格による二次細胞壁パターンの時空間的制御機構の解析
- 27 マウス組換えホットスポット活性化因子の機能解析
- 28 X線CT装置を用いた棘皮動物の半・体内および体内寄生動物の自然史学的研究
- 29 マウス胎仔高速表現型解析技術の開発
- 30 日本産野生マウス由来のMSM系統およびコンソミック系統を用いた、マウス肺腫瘍発生関連遺伝子のマッピング
- 31 内耳血管条構築に関わるメラノサイトの機能解析
- 32 野生由来近交系マウス系統群を用いた薬物嗜好性の遺伝子メカニズム解析
- 33 野生種マウスにおける情動伝染様式の解析
- 34 イネのオルガネラゲノムの機能的多様性に関する解析
- 35 イネのジテルペン生合成遺伝子の進化に関する研究
- 36 大腸菌染色体の複製ヘリカーゼと新奇分配因子CrfCの細胞内分子動態の解析
- 37 染色体制御複合体の質量分析解析
- 38 バクテリアSMCファミリータンパク質の機能解析
- 39 チェックポイントタンパク質Rad9の分裂期キナーゼによるリン酸化の普遍的意義
- 40 翅の形成におけるAptの機能に関する解析
- 41 ショウジョウバエ近縁集を利用した遺伝子・細胞機能の進化研究のための解析ツールの開発
- 42 クロマチン構造ダイナミクスの動力学計算シミュレーション
- 43 神経疾患モデルにおける中枢シナプス活性部位の構造的変化
- 44 神経変性症状を呈するショウジョウバエ変異体の微細形態解析
- 45 電子顕微鏡を用いたショウジョウバエ化学感覚系の構造解析
- 46 シナプス構造の新しいモデル像

研究代表者

- | | |
|---|------------------------|
| 山梨大学大学院 総合研究部 | 大山拓次 |
| 長崎大学 医学部 | 増本博司 |
| 東海大学 創成科学技術研究機構 | 加藤 明 |
| 理化学研究所 倉谷形態進化研究室 | 日下部りえ |
| University of Algarve, Department of Biomedical Sciences and Medicine | Leonor Cancela |
| 京都産業大学 総合生命科学部 | 森戸大介 |
| Neuroscience Institute (CSIC-UMH) Alicante-Spain | Oscar Ocaña |
| School of Life Sciences, Fudan University | Ruilin Zhang |
| 京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ遺伝資源センター | 高野敏行 |
| Kansas State University (KSU) | Thomas Mueller |
| Hong Kong Baptist University | TSE Ka Fai William |
| 大阪医科大学 薬理学 | 横江俊一 |
| 東京大学大学院 理学系研究科 | 植田信太郎 |
| 北海道大学大学院 地球環境科学研究院 | 鈴木 仁 |
| Academia Sinica, Biodiversity Research Center | Wen-Hsiung Li |
| University College London | Ziheng Yang |
| 金沢大学 医薬保健研究域医学系 | 田嶋 敦 |
| 北海道大学大学院 理学研究院 | 伊藤秀臣 |
| 名古屋大学大学院 理学研究科 | 清光智美 |
| 関西学院大学 理工学部 | 田中克典 |
| 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 | 坪内知美 |
| 大阪大学大学院 理学研究科 | 中川拓郎 |
| University of the Philippines (UP)-Diliman | Lilbeth Salvador-Reyes |
| 富山大学大学院 医学薬学研究部 (医学) | 竹内勇一 |
| 琉球大学 熱帯生物圏研究センター | 山平寿智 |
| 東京大学大学院 理学系研究科 | 福田裕穂 |
| 東京大学大学院 総合文化研究科 | 太田邦史 |
| 東京大学大学院 理学系研究科附属臨海実験所 | 近藤真理子 |
| 理化学研究所 パイオリソースセンター | 田村 勝 |
| 香川大学 総合生命科学研究センター | 宮下信泉 |
| 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部 | 山本博章 |
| 東京都医学総合研究所 依存性薬物プロジェクト | 笠井慎也 |
| 麻布大学 獣医学部 | 菊水健史 |
| 横浜市立大学 木原生物学研究所 | 木下 哲 |
| 山形大学 農学部 | 豊増知伸 |
| 九州大学 薬学研究院 | 片山 勉 |
| 名古屋市立大学大学院 システム自然科学研究科 | 田上英明 |
| 学習院大学 理学部 | 菱田 卓 |
| 京都大学 放射線生物研究センター | 古谷寛治 |
| 中国山東農業大学 発育遺伝学研究室 | 劉 慶信 |
| 杏林大学 医学部 | 栗崎 健 |
| 名古屋大学大学院 工学研究科 | 笹井理生 |
| 東京工業大学大学院 生命理工学研究科 | 鈴木崇之 |
| 東邦大学 理学部 | 曾根雅紀 |
| 北海道大学 創成研究機構 | 田中暢明 |
| 京都産業大学 総合生命科学部 | 浜 千尋 |

研究課題

- 47 発光プランクトン（海産カイアシ類）の遺伝的多様性と生物発光能の地球レベルでの解析
- 48 ヒト免疫老化表現型を特徴付けるトランスクリプトームおよび分子経路解析
- 49 比較ゲノムデータベースと代謝反応データベースに基づくポリケチド合成酵素遺伝子の解析
- 50 フルクトフィリック乳酸菌の比較ゲノム解析
- 51 シニア専門家との協働作業による遺伝学関係データベースのアンノテーションの高品質化
- 52 ヒト組織における内因性ゲノム損傷「ゲノムリボヌクレオチド」検出系の確立
- 53 Reconstructing lineage hierarchies of the otic neuroblast using RNA-seq
- 54 次世代シーケンサーを利用した進化研究
- 55 次世代シーケンサーによるパーキンソン病カイクモデル変異体 *op* の全ゲノム解析
- 56 記憶と適応を制御する遺伝子発現制御の多様性
- 57 ショウジョウバエの生殖様式を決定づける遺伝的機構の解明
- 58 イネにおける形態多様性に関する遺伝的機構の解析
- 59 イネ花粉突然変異体 Tos0113、Tos0251、Tos0330、Tos0403、Tos0425 の遺伝学的解析
- 60 イネの花序と生殖器官の発生分化を制御する遺伝子機能の解明
- 61 イネの生殖細胞系列で機能する Argonaute 遺伝子 *MEL1* の機能解析
- 62 大型類人猿におけるサブテロメア近傍領域の比較ゲノム解析
- 63 木材侵食に関わる昆虫共生微生物群の解明

研究代表者

- 産業技術総合研究所 健康工学研究部門 茂里 康
- 放射線影響研究所 放射線生物学／分子疫学部 吉田健吾
- 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 ゲノム情報研究室 内山郁夫
- 東京農業大学 生物産業学部 遠藤明仁
- 新潟大学 自然科学系 阿部貴志
- 国立がん研究センター研究所 エピゲノム解析分野 牛島俊和
- Northwestern University, Feinberg School of Medicine Miho Tanaka-Matakatsu
- 京都大学大学院 理学研究科 阿形清和
- 東京農工大学 農学研究院 天竺桂弘子
- 甲南大学 理工学部 久原 篤
- 杏林大学 医学部 平井和之
- 東京大学大学院 農学生命科学研究科 伊藤純一
- 秋田県立大学 生物資源科学部 上田健治
- 東京大学大学院 理学系研究科 平野博之
- 新潟大学 自然科学系農学部 深井英吾
- 国立成育医療研究センター研究所 ゲノム医療研究部 黒木陽子
- 北海道大学大学院 農学研究院連携部門 高須賀太一

共同研究 (A2)

研究課題

- 1 Identification of neuronal expression patterns relevant for visually guided behaviors in a zebrafish Gal4FF library
- 2 Identification of novel genes regulating cardiac development and function
- 3 Identification of highly specific vascular expression patterns in zebrafish transgenic lines
- 4 Mechanisms of photoreceptor genesis in the zebrafish retina
- 5 Identifying novel markers of neural lineage commitment

研究代表者

- Harvard University Eva Aimable Naumann
- University of California, Los Angeles, Department of Molecular, Cell and Developmental Biology Hirohito Shimizu
- University of Michigan Jordan Shavit
- University of Michigan, Department of Ophthalmology Scott M. Taylor
- University of Toronto Vincent Tropepe

共同研究 (B)

研究課題

- 1 シナプス可塑性操作による動物行動操作
- 2 先天性関節拘縮症の発症原因解明に向けたゼブラフィッシュ疾患モデルの樹立
- 3 核ゲノムに見られるオルガネラ由来配列を指標とした RNA 非依存的なメチル化機構の解明
- 4 大脳基底核に発現する細胞接着分子の遺伝子欠損マウスの行動解析
- 5 細菌細胞骨格タンパク質の動態解析
- 6 クロマチンの可視化と精製のための機能性ピロール・イミダゾールポリアミドの開発
- 7 シナプス前終末でのミトコンドリア欠乏によって引き起こされる神経変性のメカニズム

研究代表者

- 青山学院大学 理工学部 平田普三
- 理化学研究所 脳科学総合研究センター 永田健一
- 京都産業大学 総合生命科学部 河邊 昭
- 長岡技術科学大学 生物系 霜田 靖
- 立教大学 理学部 塩見大輔
- 京都大学大学院 理学研究科 杉山 弘
- 首都大学東京 理工学研究科 安藤香奈絵

研究会

研究課題

- 1 哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム
- 2 ゼブラフィッシュ研究の新展開
- 3 進化バイオインフォマティクスシンポジウム
- 4 A consortium of young plant epigenetists in Japan - First Meeting
- 5 イネ分子遺伝学の周縁
- 6 単細胞システムの細胞構築・運動・増殖機構の研究
- 7 細菌細胞の増殖と代謝研究会
- 8 染色体 DNA の安定維持の分子メカニズム

研究代表者

- 大阪大学大学院 生命機能研究科 山本亘彦
- 国立遺伝学研究所 初期発生研究部門 川上浩一
- 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 斎藤成也
- University of Tsukuba, Faculty of Life and Environmental Sciences Diana Buzas
- 東京大学大学院 農学生命科学研究科 伊藤純一
- 東北大学大学院 薬学研究科 稲田利文
- 日本大学 生物資源科学部 高野英晃
- 学習院大学 理学部 菱田 卓

研究課題

- 9 クロマチン・細胞核構造の形成とダイナミクスによるゲノム機能制御
- 10 ビッグデータ時代の分子進化
- 11 生命科学データベースの利用価値向上のためのアノテーションマラソン
- 12 がんとハイボキシア研究会
- 13 植物の生殖成長期の発生を制御する分子機構

研究代表者

- 東北大学大学院 農学研究所 原田昌彦
- 名古屋市立大学 システム自然科学研究科 鈴木善幸
- 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター 仲里猛留
- 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター 坊農秀雅
- 東京大学大学院 理学系研究科 平野博之

Joint Research with the Private Sector

共同研究先	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
協和発酵キリン株式会社 キリン株式会社	トランスポソンの哺乳動物細胞への応用に関する研究 酵母の醸造形質原因遺伝子の解明	初期発生研究部門 教授 川上浩一 大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'10.01.01~'16.03.31 '15.10.15~'16.10.14
株式会社ブリヂストン	パラゴムノキの遺伝子データベース構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'15.04.01~'16.03.31
旭化成ファーマ株式会社	次世代シーケンサーを用いた自己免疫疾患関連遺伝子の発現解析に関する研究	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'15.10.01~'16.03.31
理化学研究所	形態異常を示す各種突然変異マウスの解析	哺乳動物遺伝研究室 教授 城石俊彦	'08.04.01~'16.03.31
理化学研究所	非対称細胞分裂に関する遺伝子の研究	多細胞構築研究室 教授 澤 齊	'11.10.01~'17.03.31
理化学研究所	FANTOM5プロジェクトのための新データセットの作成	生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝 准教授 池尾一穂	'11.02.18~'17.03.31
理化学研究所	次世代シーケンサの定量データベースDDBJ Omics Archive (DOR) の登録補助ツール仕様構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'11.09.01~'17.03.31
理化学研究所	1分子長鎖再解読に基づく標準マウスゲノム配列および構造決定と公開におけるマウスゲノムの1分子長鎖DNAシーケンシング解読の実施	比較ゲノム解析研究室 教授 藤山秋佐夫 特任准教授 豊田 敦	'15.11.01~'16.03.31
静岡大学	イネ種子の成熟・発芽バランスを制御するメカニズムの解明	植物遺伝研究室 教授 倉田のり	'14.06.10~'16.03.31
東北大学 東北メディカル・バンク機構	ゲノム情報などの機微性が高い情報の震災に備えたバックアップの研究	データベース運用開発研究室 教授 高木利久	'14.08.01~'19.03.31
東海大学	臍帯血を利用した再生医学、免疫学、腫瘍医学研究	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'15.02.19~'18.03.31
海洋研究開発機構	環境影響評価・修復法の開発へ向けた環境メタゲノム解析	比較ゲノム解析研究室 特任准教授 豊田 敦	'14.04.01~'16.03.31
東京大学	DNA複製エラーによるリボヌクレオチドの取り込み機構	微生物遺伝研究部門 教授 荒木弘之	'15.04.01~'15.09.30
大阪医科大学	小型魚類を用いた新規心臓関連遺伝子の同定と解析	初期発生研究部門 教授 川上浩一	'15.04.01~'16.03.31
大阪大学蛋白質研究所	キンギョゲノム解読を目指した研究	比較ゲノム解析研究室 教授 藤山秋佐夫	'15.07.01~'17.06.30
京都大学	<i>Hippopotamus amphibius</i> の全ゲノム解読	比較ゲノム解析研究室 教授 藤山秋佐夫 特任准教授 豊田 敦 特任准教授 野口英樹	'15.12.01~'16.03.31

Commissioned Research

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構	X線顕微鏡を用いた細胞及び染色体の観察	生体高分子研究室 教授 前島一博	'12.04.01~'16.03.31
科学技術振興機構	高いバイオマス生産能及び環境耐性能を持つ藻類の作出	共生細胞進化研究部門 教授 宮城島進也	'12.04.01~'17.03.31
科学技術振興機構	メタゲノム解析による微生物叢の動態の把握及び環境評価技術の開発	生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝	'12.04.01~'17.03.31
科学技術振興機構	ゲノム折り畳み・転写動態のイメージングと転写モデルの検証	生体高分子研究室 教授 前島一博	'15.10.01~'17.03.31
科学技術振興機構	包括的1細胞トランスクリプトームと組織多様性のパイオインフォマティクス	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'15.10.01~'17.03.31
科学技術振興機構	ゲノム解析アプリケーション技術に関する研究	DDBJセンター 特任准教授 小笠原 理	'15.10.01~'17.03.31
科学技術振興機構	DNAメチル化変動のゲノムワイド解析を中心としたエピゲノム頑健性の理解と設計基盤の構築	育種遺伝研究部門 教授 角谷徹仁	'15.12.01~'17.03.31
科学技術振興機構	テグロン変異細胞創出のための基盤技術開発	分子機能研究室 准教授 鐘巻将人	'13.10.01~'17.03.31
科学技術振興機構	有糸分裂紡錘体におけるミクロナ力学反応の再構成	定量メカバイオロジー研究室 准教授 島本勇太	'14.07.01~'16.03.31
科学技術振興機構	遺伝統計学的計算手法の開発とデータ登録	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'14.04.01~'17.03.31
科学技術振興機構	微生物DBの高度化と配列解析支援系の開発と提供	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'14.04.01~'17.03.31

委託者	研究課題（研究題目）	研究代表者	契約期間
科学技術振興機構	スペクトル解析プラットフォームの構築	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'13.11.01～'17.03.31
日本医療研究開発機構	細胞核のマイクロメカニクスと機械受容メカニズムの解明	定量メカバイオロジー研究室 准教授 島本勇太	'15.12.01～'16.03.31
名古屋市立大学 (日本医療研究開発機構)	次世代シーケンサー (NGS) によるホスト因子探索のためのシステム開発とデータ解析	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'15.04.01～'16.03.31
名古屋大学 (日本医療研究開発機構)	ゲノム不安定性疾患の原因究明に向けた低コスト次世代ゲノム解析技術開発	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'15.04.01～'16.03.31
名古屋大学 (日本医療研究開発機構)	ゲノム不安定性疾患遺伝子変異データベースの構築	大量遺伝情報研究室 教授 中村保一	'15.04.01～'16.03.31
東京医療センター (日本医療研究開発機構)	遺伝性網脈絡疾患の全エクソーム解析	遺伝情報分析研究室 准教授 池尾一穂	'15.04.01～'16.03.31
医薬基盤・健康・栄養研究所 (日本医療研究開発機構)	創薬支援のためのバイオリソースデータベースのネットワーク整備と政策・倫理課題に関する研究	系統情報研究室 准教授 山崎由紀子	'15.04.01～'16.03.31
産業技術総合研究所 (日本医療研究開発機構)	生体防御系を利用した疾患診断の技術基盤開発—HLAタイプニング解析	人類遺伝研究部門 教授 井ノ上逸朗	'15.04.01～'16.03.31
農林水産省	メタゲノム解析による微生物相DNA情報の抽出技術の開発	生命情報研究センター 特任教授 五條堀 孝	'15.04.09～'16.03.22
農業生物資源研究所 (農林水産省)	カンキツの育種選抜に利用可能なゲノムワイドSNPの拡充	大量遺伝情報研究室 助教 神沼英里	'15.04.09～'16.03.01
高機能遺伝子デザイン技術 研究組合（経済産業省）	生合成パスウェイデータベースの構築	生命ネットワーク研究室 教授 有田正規	'15.04.01～'16.03.31

2015年度 科学技術人材育成費補助金

事業名	事業実施センター責任者	事業実施期間
文部科学省 テニュアトラック普及・定着事業	新分野創造センター センター長 相賀裕美子	'15.08.06～'16.03.31

2015年度 医療研究開発推進事業費補助金

ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP)

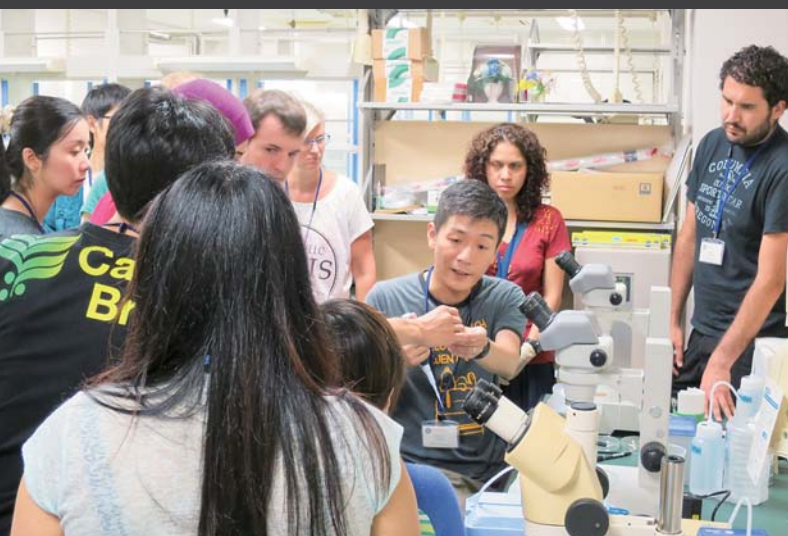
研究課題（研究題目）	課題管理者	研究期間
日本医療研究開発機構 イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築	植物遺伝研究室 教授 倉田のり	'15.04.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 モデル原核生物（大腸菌・枯草菌）遺伝資源の整備と活用	原核生物遺伝研究室 教授 仁木宏典	'15.04.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 ショウジョウバエ遺伝資源の総合的維持管理および提供	無脊椎動物遺伝研究室 教授 上田 龍	'15.04.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 ゼブラフィッシュの収集・保存および提供（トランスジェニックゼブラフィッシュ系統及び近交系ゼブラフィッシュの収集・保存及び提供）	初期発生研究部門 教授 川上浩一	'15.04.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 情報発信体制の整備とプロジェクトの総合的推進	系統情報研究室 准教授 山崎由紀子	'15.04.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 起源を異にするカイコ近交系のゲノムリシーケンシング（イルミナシーケンサを用いたカイコのゲノム解析）	比較ゲノム解析研究室 特任准教授 豊田 敦	'15.11.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 多様な特性を持つショウジョウバエ種のゲノム配列（2）	無脊椎動物遺伝研究室 助教 近藤 周	'15.11.01～'16.03.31

創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業

日本医療研究開発機構 構造生命科学データクラウドの構築運用と高度化	生命情報研究センター 特任教授 由良 敬	'15.04.01～'16.03.31
日本医療研究開発機構 創薬等支援のための大規模シーケンスによるゲノミクス解析支援と高度化（創薬等支援のための大規模シーケンスデータのためのゲノミクス解析支援と高度化）	生命情報研究センター 准教授 池尾一穂	'15.04.01～'16.03.31

International Activities

国際交流

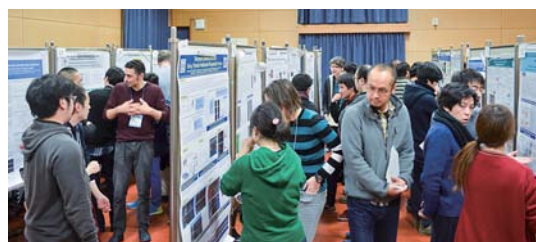


■ 国際共同研究や国際トレーニングコースの開催

国立遺伝学研究所では、国外の研究者との共同研究を推進しています。一例として「初期発生研究部門 川上研究室」では、世界最大規模のトランスジェニックゼブラフィッシュリソースを活用した、発生生物学・神経科学研究の分野での国際共同研究を展開しています。2015年度は、Harvard University (USA)、University of Algarve (Portugal)、Fudan University (China)、Kansas State University (USA)、Hong Kong Baptist University (Hong Kong)、University of Michigan (USA)、University of Toronto (Canada) 等からの研究者を短期間受け入れ、研究に有用なトランスジェニックフィッシュをスクリーニングにより見つけ出してもらう「shelf-screening」を実施しました。また、2015年度には、国際トレーニングコース「ゼブラフィッシュのイメージングと遺伝子組換え」を開催しました。このような活動を通じて、国立遺伝学研究所は国際的な研究拠点としての発展を目指しています。

■ International Collaboration and International Training Course

National Institute of Genetics promotes international collaborations. For instance, Division of Molecular and Developmental Biology (Kawakami lab) is conducting collaborations in the field of developmental biology and neuroscience by using the world largest transgenic zebrafish resource. In 2015, researchers from Harvard University (USA), University of Algarve (Portugal), Fudan University (China), Kansas State University (USA), Hong Kong Baptist University (Hong Kong), University of Michigan (USA), University of Toronto (Canada) visited Kawakami lab and performed genetic screens to find fish that will be useful for their research ("shelf-screen"). Also, in 2015 international training course "zebrafish imaging and transgenesis" was held with participants from all over the world. Thus, National Institute of Genetics is aiming to establish a basis of international activities.



■ 国際シンポジウム

国立遺伝学研究所は、国際的な学術交流を推進することにより多様な分野の研究者との連携を強化し、遺伝学および共同研究の発展に資することを目的に、毎年国際シンポジウムを支援しています。2015年度は「Japan Q-Bio Week – Quantitative biology: force, information and dynamics」と銘打って、遺伝研細胞建築研究室の木村暁教授を含む「定量生物学の会」メンバーがオーガナイズした2つのシンポジウムとワークショップを開催しました。

東京シンポジウムには135名(内、海外から12名、学生41名)、三島シンポジウムには69名(内、海外から11名、学生22名)が参加し、ワークショップも含めて1週間にわたり熱い議論を繰り広げました。

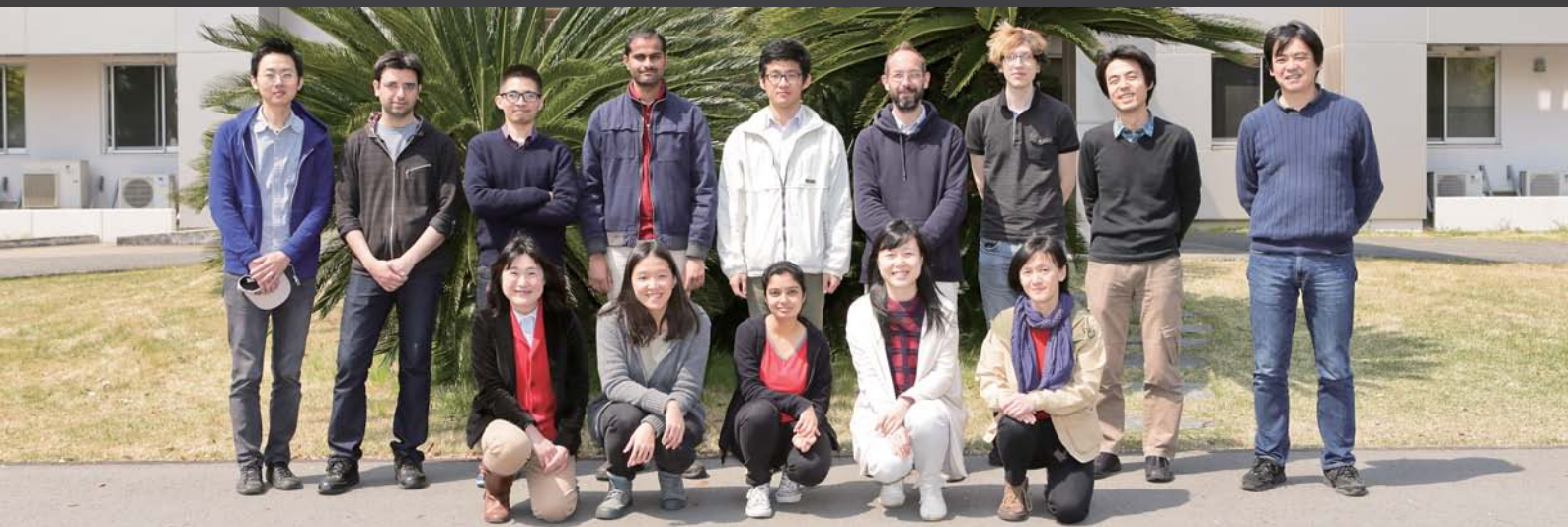
- 会期：2016年1月8-13日
- 場所：東京大学(東京)および国立遺伝学研究所(三島)

■ NIG International Symposium

In order to contribute to advance the frontiers of genetics, NIG has been organizing and sponsoring international symposiums and promoting academic interactions among researchers from diverse backgrounds and disciplines. This year we supported an international symposium "Japan Q-Bio Week – Quantitative biology: force, information and dynamics". Members of Japanese society of quantitative biology, including Prof. Akatsuki Kimura (Cell Architecture Laboratory, NIG) organized the series of symposiums and a workshop.

135 investigators (including 12 from abroad and 41 students) attended the symposium at Tokyo, and 69 investigators (including 11 from abroad and 22 students) attended the symposium at Mishima.

- Date: Jan. 8-13, 2016
- Venue: The University of Tokyo (Tokyo) and National Institute of Genetics (Mishima)



■ 外国人研究者に対するサポート

遺伝研の国際的な研究環境を整備・発展させるために、国際化推進委員会が様々な活動を行っています。外国人研究員・留学生が言葉の壁を感じることなく研究に専念できるよう、国際化推進グループ (GIP) が来日前のビザ申請から、来日後の事務手続き、住居探しや三島エリアの生活情報の提供に至るまで、幅広いサポートを提供しています。また、日本語の無料レッスンも行っています。



■ Support for International Researchers

NIG is committed to support international researchers so that they can dedicate themselves to research in a stimulating but yet unfamiliar environment. New international NIG members will receive assistance from the Group for Internationalization Promotion (GIP) with their initial move to Japan – and throughout their stay at NIG / SOKENDAI. The support offered by GIP includes help in visa applications, administrative procedures upon relocation/employment, flat hunting and medical care. GIP will also provide useful information of the area to enrich your academic and personal life in Mishima. Free Japanese lessons are offered to those who wish to learn Japanese language.

For more details, visit GIP web page: <https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/GIP/index.html>

Please feel free to contact us if you have any questions about working/studying at NIG / SOKENDAI.

- GIP Help Desk Coordinator (General Affairs /Education Team):
MIURA, Chikako cmiura@nig.ac.jp
- Chair of Internationalization Promotion Committee:
Professor AKASHI, Hiroshi hiakashi@nig.ac.jp

Hosting Foreign Scientists 外国人研究者の受け入れ

Name / Subject title / Affiliation 氏名/研究課題/所属

Postdoc 博士研究員 SHENTON, Matthew Richard	Characterization of biodiversity and species variation in genus <i>Oryza</i> . イネ属の多様性および種間変異の調査解析	Plant Genetics Laboratory 植物遺伝研究室
Postdoc 博士研究員 LEE, KyungBum 李 慶範	Reception and quality control of the massive submissions at DDBJ. DDBJにおける塩基配列大量登録情報の受入対応と高水準化	DDBJ Center DDBJセンター
Postdoc 博士研究員 ZHOU, Zhi 周 智	Identification of target genes of <i>Nanos 2</i> in germ cell. マウス雄性生殖細胞特異的因子 <i>Nanos2</i> の標的 RNA の同定と機能解析	Mammalian Development Laboratory 発生工学研究室
Postdoc 博士研究員 LIU, Hua 劉 華	Analysis of RNA-binding proteins promoting germ-cell development in rice. イネの生殖細胞発生に関わる RNA 結合蛋白質の解析	Experimental Farm 実験農場
Postdoc 博士研究員 JIN, Yinhuo 金 銀華	Study on asymmetric cell division in <i>C. elegans</i> . 線虫の非対称分裂機構の研究	Multicellular Organization Laboratory 多細胞構築研究室
Postdoc 博士研究員 LUO, Wenshu 罗 雯姝	Study of neuronal circuit formation in the mouse brain. マウス脳の神経回路構築機構の研究	Division of Neurogenetics 形質遺伝研究部門
Postdoc 博士研究員 LI, Donghan 李 東晗	Analysis of lipid spectra and international coordination. 脂質マススペクトルの解析と国際連携	Laboratory of Biological Networks 生命ネットワーク研究室
Researcher 研究員 AHMADLOO, Somayeh	Functional analyses of common diseases using three dimensional chromatin structure. クロマチン高次元構造からの common disease 機能解析	Division of Human Genetics 人類遺伝研究部門

Activities and Events for Research Promotion

研究を促進するための活動と行事

▶ Activities for Research Promotion

研究を促進するための活動



NIG Colloquium
内部交流セミナー



Biological Symposium presented by Dr. Stephen Kowalczykowski
バイオロジカルシンポジウム Dr. Stephen Kowalczykowski 講演

■ 内部交流セミナー

研究所内における研究成果を発表し、討論する会で、毎週金曜日に開かれます。教員による発表の他、D5プログレスレポートとして博士課程5年生の研究紹介の場としても利用されています。

■ バイオロジカルシンポジウム

先端の研究を行っている国内外の研究者を研究所に招き、講演討論を行います。幅広い分野の優れた講演が年間約55回行われています。

■ NIG Colloquia

Seminars are held every Friday by researchers at the institute to discuss their progress during the past year. Presentations are made not only by faculty, but also by fifth year graduate students as a part of their D5 Progress Report.

■ Biological Symposia

Biological Symposia are held throughout the year, featuring distinguished speakers in many areas of biological sciences, from universities and institutions worldwide.

▶ Events

行事



Open House on April 2, 2016
一般公開 2016年4月2日



Public Lecture Presented by Dr. Kurata Nori
公開講演会 倉田のり 教授講演

■ 研究所の一般公開

科学技術週間における行事の一環として、毎年4月上旬に各研究部門の展示や学術講演を行い、研究所の一部を一般に公開しています。

■ 公開講演会

年1回、東京地区を中心に本研究所教員を講師として、一般を対象に遺伝学公開講演会を開催しています。

国立遺伝学研究所 2015年度の公開講演会

● 講演タイトル

遺伝研と野生イネとゲノムの研究／倉田のり 教授
細胞と力、そのしなやかで堅牢な応答メカニズム／島本勇太 准教授
私たちの体をつくるバクテリア／仁木宏典 教授

■ Open House

As one of the events of the Science and Technology Week, NIG opens its grounds and facilities to the public. Visitors attend exhibits and special lectures as well as enjoying cherry blossoms in the campus.

■ Public Lecture

Once every autumn, NIG holds a public lecture in Tokyo, presented by its faculty.



この博物館は、1999年に国立遺伝学研究所の創立50周年を記念して、遺伝学の研究の中身を、わかりやすく、楽しく知っていただけるようにと企画して作ったものです。2009年、創立60周年にあたり、構成を一新するとともに、時代の流れに則した内容を新たに付け加えました。

新聞やニュースなどで、「遺伝子」、「DNA」、「ゲノム」といった言葉が毎日のように流れています。いまや、遺伝学の研究は専門家だけに任せておいてはいけな時代、沢山の方が理解して判断を迫られる時代となっているのです。この「遺伝学電子博物館」では、学生・学校の先生・ジャーナリストだけでなく、科学の研究に興味のある多くの方々に向けて、遺伝学についての正確な情報を提供しています。では、少しでも中身を紹介しましょう。

■ 遺伝学の歴史 …… メンデルから現代まで

昔から「子は親に似る」ということわざがあるように、親子、兄弟は何となく顔や姿が似ていることは疑う余地がありません。遺伝現象の研究が近代科学として成立したのは、オーストリアの修道院の牧師であったメンデルが重要な遺伝の法則を発見したことから始まります。

■ 進化と遺伝 …… 生きものはどこから来たか

科学としての進化論は、C. ダーウィンが1859年に『種の起原』を発表したことから始まりました。ダーウィンは遺伝の原理を知りませんでしたので、自然淘汰の機構について充分説明できず大変悩んだようです。1968年、木村資生が提唱した中立説に始まり、分子レベルで進化を考えることが始まりました。

■ 分子遺伝学 …… DNAの視点から生命を考える

1953年、X線を使ってDNAの二重らせん構造が発見されました。そこには遺伝情報を正確に子孫に伝え、体のかたちを作り、生命活動を行う精巧な仕組みが秘められていました。近年活発なゲノムプロジェクトについてもご紹介します。

■ 生物種の遺伝学 …… いろんな生物のゲノム研究

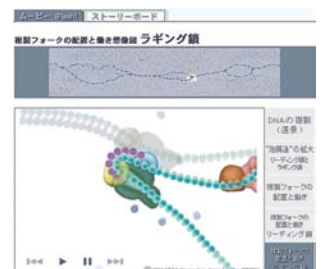
ゲノムプロジェクトにより、生命現象の基本プログラムの詳細な姿を明らかにするための基礎となる「情報」が日々蓄積されています。それらは、ゲノムの構造と密接に関連した生物情報知識ベースとしてコンピュータ化され、バイオサイエンス研究の基盤情報として広く使われているのです。

■ マルチメディア資料館 生物・ザ・ムービー …… ムービーで見る分子の世界

DNAが複製・転写・翻訳される様子を3Dのムービーにしました。RNAポリメラーゼの専門家とタンパク質の立体構造の専門家が製作に参加し、分子生物学の正確な知見を踏まえて作られています。

■ クイズ遺伝学 ゲノムアニメ劇場 电脑紙芝居 …… 楽しく遺伝学を知ろう!

ゲノムって何? オーダーメイド医療って? 研究者はどんな考え方をしている? 素朴な疑問にクイズやアニメで楽しみながら学べます。狙った遺伝子を破壊できるノックアウト技術を使ったマウスの研究の紹介アニメが新たに追加されました。



生物・ザ・ムービー



ゲノムアニメ劇場

国立大学法人 総合研究大学院大学 生命科学研究科

遺伝学専攻

Department of Genetics

SOKENDAI

国立遺伝学研究所（遺伝研）は、総合研究大学院大学（SOKENDAI）生命科学研究科 遺伝学専攻として、大学院生の教育を行っています。遺伝学を中核に多様な分野の研究が集積する優れた環境の中で、幅広い視野をもつ研究者を育成し、次世代の生命科学研究に貢献したいと考えています。5年一貫制博士課程と3年間の博士後期課程の2種類の課程があります。5年一貫制課程の対象者は大学卒業、または、それと同等の資格を有する方；博士後期課程の対象者は修士号取得者、または、それと同等以上の学力があると認められた方です。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/phd-program/main-page-top/main-page>

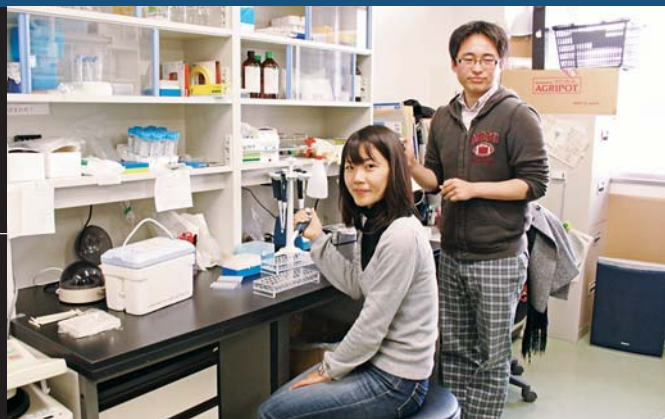
National Institute of Genetics (NIG) functions as the Department of Genetics, SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) and offers PhD programs in Genetics. Our 5-year program accepts those with a bachelor's degree or equivalent. Those with Master's degree or similar qualifications are also eligible to apply to our 3-year program. Our graduate programs provide interdisciplinary education with frequent seminars, journal clubs, and workshops on scientific writing and presentation. Highly qualified students can receive financial aid. For more information please visit the web site of our graduate program.

<https://www.nig.ac.jp/nig/phd-program/main-page-top/main-page>



Department of Genetics, School of Life Science, SOKENDAI

総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻



遺伝研で学びませんか？

▶ SOKENDAI

遺伝学専攻の特色

■ 質の高い研究

遺伝研は国内外の研究者の共同利用を目的とした研究機関です。整備されたDNAデータベース、数多くの実験生物系統などの遺伝資源、最先端の共通機器等、生命科学の基礎研究を遂行するための環境が全て揃っています。ここでは、約40の研究グループがそれぞれのテーマに向かって自由に研究活動を展開し、得られた研究成果を世界へと発信しています。論文引用度や科学研究費の採択率がここ数年間常にトップクラスであることも、当研究所で行われている研究が国際的にみても高水準であることを裏付けています。質の高い研究に支えられた研究主導型の教育は、SOKENDAI・遺伝学専攻で学ぶ大きな利点です。

■ 少人数教育

遺伝研では、教授も准教授もそれぞれ独立の研究室を組織して研究を行っています。各研究室の構成員は10人前後と小規模ですので、教員と頻繁な密度の濃い議論が可能です。博士課程の大学院生1人あたりの教員数は2.08人であり、大学院大学ならではの非常に恵まれた研究教育環境であるといえます。

■ High Quality Research

United under the term “Genetics”, graduate students at NIG continue to expand the frontiers of life sciences in molecular and cell biology, development, neurosciences, evolution, structural biology and bioinformatics. The quality of NIG research is evident from the frequent citations of papers published from the institute and the high funding rates for our grant proposals. NIG houses tremendous resources for basic research in life sciences, such as the well-established DNA database (DDBJ), an extensive collection of natural variants and mutant strains of various model organisms, and state of the art research equipments.

■ Small Lab Size

Unlike most other Japanese universities that retain the “pyramid” lab structure, professors and associate professors organize independent research groups at NIG. Each group is small; a typical lab consists of fewer than ten people. Thus, the ratio of faculty to students is extremely high, an average of 2.08 faculty / student. This enables the graduate students to have frequent and in-depth discussions with faculty – something not possible at institutions with an undergraduate program, which must accept several students per faculty every year, not counting undergraduate students!





■ 多彩な授業と豊富なセミナー

遺伝学専攻では、生命科学をはじめとする様々な分野について基礎から最先端まで学べます。基礎的知識の教授と議論が中心の授業を併設し、原著論文を批判的に読み、ディスカッションすることを通して「考える力」や「討論する力」を育てることを重視しています。遺伝研で行われる授業だけでなく、遠隔講義システムを活用して他の専攻で実施されている幅広い分野の授業に参加することも可能です。また、英語による口頭発表や論文作成など、成果発表のための実践的技術を身につけるための授業も行っています。遺伝研では、多岐分野にわたるセミナーが頻繁に開催されています。週1度の所内演者による内部交流セミナーに加えて、国内外の著名研究者を招いたバイオリジカルシンポジウムが毎週のように開かれ、活発な論議が行われています。セミナー演者と大学院生との昼食会に参加すれば、あこがれの研究者と実際に会って個人的に話をすることができます。

■ 複数教員による教育制度

遺伝学専攻は、「一人一人の大学院生を全教員で指導する」という理念のもとに大学院教育を行っています。もちろん各大学院生はそれぞれ一人の指導教員のもとでその研究グループに所属して研究を行います。それを補う形で、複数教員の指導によるユニークな「プログレスレポート制度」を実施しています。この制度は、「各々の学生が選んだ教員が小委員会を組織し、学生の相談にのり助言をおこなう」というものです。5年一貫制博士課程の1、3年次では、指導教員以外の教員1名との個人面談で研究計画の討論を行い、研究テーマの設定について助言を得ることができます（生命科学プログレスⅠ、Ⅲ）。2、4年次には、それまでの研究内容のレポートを提出し、指導教員以外の4人の教員からなる小委員会に対して口頭で発表を行います（生命科学プログレスⅡ、Ⅳ）。さらに5年次には、研究所全体での公開のセミナーを行い、聴衆や小委員会のメンバーと討論します（生命科学プログレスⅤ）。それ以外にも学生は年一回プログレスポスター発表会で研究発表を行います。これらの制度が、研究が行き詰まったときの助けになるのはもちろんですが、様々な分野の研究者の意見を聞く機会をもつことで、研究者としての視野を広げるのに役立っています。また、英語論文を書くための準備やプレゼンテーションの訓練という意味でも経験を積むことができます。

■ Diverse Courses and Frequent Seminars

The Department of Genetics offers diverse courses aimed at providing in-depth as well as basic knowledge on various fields of life sciences. The courses are designed to foster critical thinking and logical discussion skills. Courses on scientific presentation and scientific writing are also offered. Using a remote lecture system students can take courses in various disciplines provided by other departments of SOKENDAI. A large number of seminars covering various fields of life sciences are held at NIG, including “Biological Symposia” featuring eminent scientists from all over the world. In addition, members of NIG present their progress during the past year at weekly “NIG Colloquia”. Graduate students are invited to lunch with seminar speakers, where students have a chance to personally talk with internationally renowned scientists. Almost all the seminars are given in English, and the graduate course lectures are also given in English. Knowledge of Japanese is not required for completing the graduate program and obtaining PhD degree.

■ Team Teaching

NIG has a policy that “all” faculty members should be involved in the education of each student. In addition to the thesis advisor (PI of the lab in which the student belongs to) students receive guidance and support from the “Progress Report Committee”, whose members are selected by each student from outside their own research group. This committee meets with the student once per year (or more often if requested by the student) and gives advice on the student’s thesis project. In addition, students have opportunities to present their work every year in poster progress sessions, and have discussions with the committee as well as other faculty and postdoctoral fellows. By providing a friendly and stimulating environment to have in-depth discussions with researchers in other fields, this program helps students to broaden their views and to find breakthroughs when research is not going smoothly. It also gives opportunity to prepare for presenting seminars at conferences.



■ 研究者間の活発な交流

遺伝研・遺伝学専攻は、研究者間の交流や議論が活発な事で有名です。各研究室が小規模なこともあり、研究室間の合同セミナーや、共同研究が活発に行われています。大学院生も、他の研究室に出入りして自分に必要な知識や実験手技を学んだりするなど、自由で積極的な交流を行っており、講座制にはない魅力となっています。研究所には、教員や大学院生以外にも、博士研究員、共同利用研究員、外国人招へい研究者等、様々な立場の研究者がいるので、いろいろなレベルでの交流が行われています。このような研究室間の垣根のない交流は、幅広い学際的視野をもつ研究者の育成のために、非常に良い環境であるといえるでしょう。

■ 生命科学リトリート

総研大の生命科学研究科は、遺伝研を基盤機関とする遺伝学専攻、岡崎の生理研、基生研を基盤機関とする生理科学専攻、基礎生物学専攻から成り立っています。これら3専攻に葉山の生命共生体進化化学専攻を加えた4専攻合同の生命科学リトリートが年1回開催されています。

■ Close Network of Research Groups

NIG is famous for active interactions and discussions among the in-house researchers. Because each research group is small, many groups have joint lab meetings with other labs, and collaborations between groups are very common. Graduate students also actively and freely visit other research groups to acquire new techniques and knowledge, which is another advantage of small groups. NIG also hosts various types of researchers, such as postdoctoral fellows, collaborative researchers and visiting scientists from abroad. Interacting and networking with researchers with diverse levels and backgrounds is an ideal way for students to develop broad and balanced views as mature scientists.

■ Life Science Joint Retreat

SOKENDAI houses the largest number of life science faculty in Japan. In addition to the Department of Genetics in Mishima, the Okazaki area has two departments, the Department of Physiological Sciences and the Department of Basic Biology, and a fourth department, the Department of Evolutionary Studies and Biosystems, is located in Hayama. These four life science departments hold a joint retreat every year for scientific interactions.





▶ Various Aids to Students

学生に対する様々な支援活動

大学院生としての生活は人生の中で決して「楽な」時期ではありません。一人前の研究者と同様に高いレベルの研究成果をあげることを期待されているにもかかわらず、「指導を受けている」学生という身分であるため、仕事をするために授業料を支払わなければなりません。アメリカでは、大学院生の授業料は学部や指導教官が申請するグラントによって負担され、また学生には給与 (stipend) が支給されるのが普通ですが、現在の日本の制度では大学院が学生に経済的な援助を与えるシステムは極めて限られています。このような制約の下でも、遺伝学専攻は、学生が「一人前の研究者に育つ」と言う目標を達成するために出来る限りの支援をしようとしています。

NIG and the Department of Genetics conduct various activities to support graduate students and enrich its graduate program.

■ 経済的支援

遺伝学専攻では、大学院生をリサーチアシスタントに採用し、給与を支給しています。額は5年一貫制1、2年次が年額55万円、3年次以上が年額60万円です。また、日本学生支援機構の奨学金の貸与を希望する者は、入学後選考のうえ、日本学生支援機構に推薦します。最近の実績では、希望者全員が奨学金給付を認められています。入学料、授業料については、経済的理由により納付が困難で、かつ学業優秀な者等に対し、入学後選考のうえ、半額免除又は徴収猶予が認められる制度があります。

■ 就職支援活動

在学生や修了生を対象に、「求人情報のメーリングリスト」を作成しています。個々の教員に寄せられるポストクなどの求人情報が素早く入手できる便利な制度です。遺伝学専攻は、静岡大学博士人材キャリア創造プログラムと、岡山大学若手研究者キャリア支援センターと協定を結んでおり、企業への就職を希望する学生の相談にも対応します。

■ 海外での学会参加の助成

研究成果をあげ英会話能力を身につけたら、次は国際学会での発表です。遺伝学普及会が若手研究者に対する海外渡航費の助成を行っており、申請が認められれば旅費の援助が受けられます。国際共同研究活動や国際的研究能力育成のための長期間海外派遣で、研究や研修を行う制度もあります。

■ 遺伝研宿舎

遺伝学専攻には学生が入居できる宿舎があります。一人部屋と3人部屋があり、それぞれに、バス・キッチン・トイレを完備しています(3人用は共用になります)。

■ 科学発表の授業

研究者にとっては、単に研究能力だけでなくその成果を外に発表する能力も大切です。特に英語で表現・議論する能力は国際的に活躍するためには是非身につけたい能力です。博士号取得までに「英語で理解・議論・表現する力」を獲得できるよう、遺伝学専攻は英語論文書き方講習会や、独自に開発した「遺伝研メソッド」による研究者育成を行っています。詳細は以下URLをご覧ください。

https://www.nig.ac.jp/jimu/sokei/courses/Efs/Efs_2016/OSC_I.html

■ Financial Aid

Students accepted to the International Graduate Program at NIG will be nominated as candidates to receive the scholarship from the Japanese government (MEXT fellowship). Third year students can also apply to a "Research Fellowship for Young Scientists" grant sponsored by JSPS. Other financial aids are also available.

■ Aid in Finding a Job

To help our graduates find jobs after obtaining their degrees, NIG collects recruitment information for positions such as postdocs and assistant professors and informs the graduate students and alumni using a web page and a mailing list. The Department of Genetics has agreements with two external programs that support career development of students in PhD courses.

■ Travel Funds

Once you have obtained interesting results and polished your presentation skills, it's time to show them off at international meetings. Indeed, many NIG graduate students have been selected to present their work as oral presentations at prestigious international conferences. NIG students are eligible to apply to several travel funds to cover the costs of attending international conferences.

■ NIG Dormitory

The NIG dormitories are available for students. There are two options: Private Unit and Shared Unit (residents will be provided their own rooms).

■ Courses on Scientific Writing and Presentation

Scientist must not only make new discoveries, but also communicate new findings effectively to others. The ability to present and discuss science in English is thus an essential skill that must be learned within your graduate career. The Department of Genetics offers many courses and workshops on scientific writing and presentation, including a special scientist training program called "NIG Method". For details please take a look at the following URLs:

https://www.nig.ac.jp/jimu/sokei/courses/Efs/Efs_2016/OSC_I.html



▶ Research Internship

体験入学プログラム

■ 学部学生のための遺伝研体験プログラム

遺伝研では学部学生のための「体験入学プログラム」を実施しています。1週間程度、遺伝研の宿泊施設に泊まり込み、実験、セミナー参加など、たくさんのプログラムで遺伝研の研究生活を体験することができます。旅費・宿泊費は遺伝研から支給されます。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/phd-program/taiken>

■ Undergraduate Research Internships at NIG

NIG offers a 4-week undergraduate research internship program for international students who wish to gain experience in scientific lab work. Each intern will join ongoing research projects in a world class research group, and will be provided with latitude as well as responsibility to conduct “real” research, i.e. something that no one in the world has done before. Interns also participate in various Departmental activities, such as lectures for our graduate students, journal clubs, and seminars by outstanding researchers in and out of NIG. Japanese lessons are also available. Stipend will be provided to cover travel and living expenses. If you want to find out what it is like to do research, this is the best way to spend a summer.

<https://www.nig.ac.jp/jimu/soken/intern/index.html>

▶ Graduate Education at NIG

大学院進学を考えている人へ

遺伝学専攻の大学院教育は、「自立した研究者」の育成を目指しています。しかし、この目標は優れた研究環境や充実した指導体制だけで達成できるわけではありません。大学院生が各自、何を研究したいのか目的意識をきちんと持ち、自ら積極的に行動することが必要です。遺伝学専攻に興味を持たれた方は、まずは興味をもつ研究室の教員に直接連絡を取ってみてください。下記は遺伝学専攻生とその発表論文の一例です。

Educating future generations of scientists is central to the mission of NIG. Our graduate program provides many opportunities for students to gain scientific knowledge and professional skills. We look forward to your active participation in the program. Below is an example of a first-authored recent publication by a NIG graduate student.



Lineage specific conserved noncoding sequences of plant genomes: their possible role in nucleosome positioning.

Hettiarachchi, N., Kryukov, K., Sumiyama, K., and Saitou, N. (2014). *Genome Biol Evol*, 6, 2527-2542.

Nadeeka Nilmini Hettiarachchi (2016.3修了)

最新の技術が整っている遺伝研では、学生が自分たちの夢を実現することができます。

HETTIARACHCHI, Nilmini Nadeeka (Graduated in March 2016)

NIG is a facility with up to date technology where students can realize their goals in research.

▶ Programs to Host Researchers

遺伝研で研究しよう

遺伝研は、他大学の大学院生の教育にも貢献しています。遺伝学またはこれに関連する学問分野を専攻している大学院生(修士・博士課程)であれば、「特別共同利用研究員」として遺伝研で研究することが可能です。授業料などの費用はかかりません。そのほか、企業に所属しながら遺伝研で研究する「受託研究員」制度や、大学卒業の資格で遺伝研で研究する「遺伝研研究生」の制度もあります。詳細は以下 URL をご覧ください。

<https://www.nig.ac.jp/nig/ja/about-nig/how-to>

NIG accepts students who belong to other graduate programs (master's course or doctor's course) and provides research environment at the Institute. NIG also offers ample opportunity for post-graduate education and international exchanges. In addition to institutionally-funded postdoc positions (NIG postdoctoral fellow), one can also work at NIG through externally-funded postdoc grants (MEXT and JSPS Programs) or grants to individual laboratory. In addition, NIG welcomes sabbatical stays of foreign faculty. Please contact your proposed mentor/host/hostess for details on the programs.

NIG Data

遺伝研データ



(2016年4月1日現在)

運営会議 Advisory Committee

研究所の運営に関する重要事項その他共同研究計画に関する事項で、所長が必要と認めるものについて、所長の諮問に応じる。
The Advisory Committee gives advice to the Director-General on administrative affairs including joint research programs.

漆原秀子 URUSHIHARA, Hideko	筑波大学名誉教授 Professor Emeritus, University of Tsukuba	舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University
黒田真也 KURODA, Sinya	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Sciences, The University of Tokyo	西田栄介 NISHIDA, Eisuke	京都大学大学院生命科学研究科教授 Professor, Graduate School of Biostudies, Kyoto University
篠崎一雄 SHINOZAKI, Kazuo	理化学研究所環境資源科学研究センター長 Director, Center for Sustainable Resource Science, RIKEN	花岡文雄 HANAOKA, Fumio	筑波大学生命領域学際研究センター長 Research Director, Life Science Center of Tsukuba Advanced Research Alliance
菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京大学大学院新領域創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo	松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio	理化学研究所多細胞システム形成研究センターチームリーダー Team Leader, Center for Developmental Biology, RIKEN
杉本亜砂子 SUGIMOTO, Asako	東北大学大学院生命科学研究科教授 Professor, Graduate School of Life Sciences, Tohoku University	森川耿右 MORIKAWA, Kousuke	勲国際高等研究所チーフリサーチフェロー Chief Research Fellow, International Institute for Advanced Studies

(所外委員)

城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	副所長 Vice-Director	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Integrated Genetics	大久保公策 OKUBO, Kousaku	生命情報研究センター長 Head, Center for Information Biology
荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	副所長 Vice-Director	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	新分野創造センター長 Head, Center for Frontier Research	岩里琢治 IWASATO, Takuji	個体遺伝研究系教授 Professor, Department of Developmental Genetics
川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	個体遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Developmental Genetics	仁木宏典 NIKI, Hironori	系統生物研究センター長 Head, Genetic Strains Research Center	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	構造遺伝学研究センター教授 Professor, Structural Biology Center
斎藤成也 SAITOU, Naruya	集団遺伝研究系研究主幹 Head, Department of Population Genetics	澤 斉 SAWA, Hitoshi	構造遺伝学研究センター長 Head, Structural Biology Center		

(所内委員)

アドバイザリーボード Advisory Board

研究所に係る重要事項について、所長又は運営会議の求めに応じ助言を行う。
The board members give advice to the Director-General and/or the Advisory Committee regarding the principles and policies of the institute.

大隅良典 OHSUMI, Yoshinori	東京工業大学名誉教授 Honorary Professor, Tokyo Institute of Technology	WIESCHAUS, Eric	Professor, Princeton University
榊 佳之 SAKAKI, Yoshiyuki	東京大学名誉教授 Professor Emeritus, The University of Tokyo	SULSTON, John	Chair, Institute for Science, Ethics and Innovation, The University of Manchester
竹市雅俊 TAKEICHI, Masatoshi	理化学研究所多細胞システム形成研究センター特別顧問 Senior Advisor, Center for Developmental Biology, RIKEN	HUNT, Tim	Emeritus Group Leader, The Francis Crick Institute

総合企画会議 Council for Strategy Planning and Coordination

所長の指揮の下、研究所の運営に関する基本方針の企画立案等を行うとともに、機構本部と連携する。
Under the Director-General's supervision, the Council makes basic plans and policies on NIG management in addition to coordinating with ROIS headquarters.

研究企画担当 Research Planning	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	情報・システム研究機構 戦略企画会議担当 ROIS Strategic Planning Committee	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	女性研究者活動支援室担当 Office of Female Researcher Development	平田たつみ HIRATA, Tatsumi
	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	評価担当 Evaluation	中村保一 NAKAMURA, Yasukazu		
	仁木宏典 NIKI, Hironori	知財担当 Intellectual Property	鈴木睦昭 SUZUKI, Mutsuaki		
	広海 健 HIROMI, Yasushi				

運営会議共同利用委員会 Inter-University Collaboration Committee

(委員長) Chair		(所内委員) NIG members	
北川大樹 KITAGAWA, Daiju	分子遺伝研究系教授 Professor, Department of Molecular Genetics	北川大樹 KITAGAWA, Daiju	分子遺伝研究系教授 Professor, Department of Molecular Genetics
(所外委員) Non-NIG members		角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji	総合遺伝研究系教授 Professor, Department of Integrated Genetics
舘田英典 TACHIDA, Hidenori	九州大学大学院理学研究院教授 Professor, Faculty of Sciences, Kyusyu University	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center
松崎文雄 MATSUZAKI, Fumio	理化学研究所多細胞システム形成研究センターチームリーダー Team Leader, Center for Developmental Biology, RIKEN	相賀裕美子 SAGA, Yumiko	系統生物研究センター教授 Professor, Genetic Strains Research Center
菅野純夫 SUGANO, Sumio	東京大学大学院新領域創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo		

各種／個別委員会 委員長 NIG Committees (Chair)

将来計画委員会 Future Planning	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	図書委員会 Library	北野 潤 KITANO, Jun	遺伝学博物館委員会 Museum of Genetics	齋藤成也 SAITOU, Naruya
予算委員会 Budget	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	セミナー委員会 Seminar	宮城島進也 MIYAGISHIMA, Shin-ya	国際化推進委員会 Internationalization	明石 裕 AKASHI, Hiroshi
施設整備委員会 Facility Management	仁木宏典 NIKI, Hironori	事業委員会 NIG Projects	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro	博士研究員選考委員会 PD Selection	角谷徹仁 KAKUTANI, Tetsuji
共通機器委員会 Common Equipment	川上浩一 KAWAKAMI, Koichi	広報委員会 Publicity	木村 暁 KIMURA, Akatsuki		
電子計算機委員会 Computer	有田正規 ARITA, Masanori	知的財産委員会 Intellectual Property	前島一博 MAESHIMA, Kazuhiro		
放射線安全委員会 RI Safety	荒木弘之 ARAKI, Hiroyuki	マウス小委員会 Mouse Bioresource	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	ヒトゲノム・遺伝子解析 研究倫理審査委員会 Ethics of Human Genome Research	久保公策 OKUBO, Kosaku
遺伝子組換え実験安全委員会 Recombinant Experiments	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro	イネ小委員会 Rice Bioresource	佐藤 豊 SATO, Yutaka	安全衛生委員会 Safety & Health	井ノ上逸朗 INOUE, Ituro
動物実験委員会 Animal Experiment	城石俊彦 SHIROISHI, Toshihiko	大腸菌小委員会 E. Coli Bioresource	仁木宏典 NIKI, Hironori	利益相反委員会 Conflict of Interests	所長 Director-General
防火・防災管理委員会 Fire & Disaster Prevention	管理部長 General Manager	ハラスメント防止・対策委員会 Harassment Prevention	副所長 Vice-Director	DNA データ研究利用委員会 DNA Database Advisory	高木利久 TAKAGI, Toshihisa
生物遺伝資源委員会 Genetic Resources	生物遺伝資源センター長 Head, Genetic Resource Center	人を対象とする研究倫理審査委員会 Ethics of Research Involving Human Subject	久保公策 OKUBO, Kosaku		

(2015年度委員)

DNA データ研究利用委員会 所外委員 DNA Database Advisory Committee (Non-NIG members)

金城 玲 KINJO, Akira	大阪大学蛋白質研究所准教授 Associate Professor, Institute for Protein Research, Osaka University	松岡 聡 MATSUOKA, Satoshi	東京工業大学学術国際情報センター教授 Professor, Tokyo Institute of Technology Global Scientific Information and Computing Center
黒川 顕 KUROKAWA, Ken	東京工業大学大学院地球生命研究所教授 Professor, Earth-LifeScience Institute, Tokyo Institute of Technology	水島 洋 MIZUSHIMA, Hiroshi	国立保健医療科学院研究情報支援研究センター 席主任研究官 Chief Senior Researcher, Center for Public Health Informatics, National Institute of Public Health
星 潤一 HOSHI, Jun-ichi	科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター企画運営室長 Director, Department of Planning and management, NBDC Japan Science and Technology Agency	宮野 悟 MIYANO, Satoru	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
長洲毅志 NAGASU, Takeshi	科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター統合化推進プログラム研究総括 Research Supervisor, Database Integration Coordination Program, NBDC Japan Science and Technology Agency	武藤香織 MUTO, Kaori	東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授 Professor, Human Genome Center, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
松本 隆 MATSUMOTO, Takashi	農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センターセンター長 Director, Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences	菅野 純夫 SUGANO, Sumio	東京大学大学院新領域創成科学研究科教授 Professor, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo
服部正平 HATTORI, Masahira	早稲田大学理工学術院先進理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Advanced Science and Engineering, Faculty of Science and Engineering, Waseda University	深海 薫 FUKAMI-KOBAYASHI, Kaoru	理化学研究所バイオリソースセンター情報解析技術室室長 Head, Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center
藤田信之 FUJITA, Nobuyuki	製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター 席参事官 Senior Director, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation		

遺伝子組換え実験安全委員会 所外委員 Recombinant Experiments Committee (Non-NIG members)

秋山靖人 AKIYAMA, Yasuto	静岡県立静岡がんセンター研究所免疫治療研究部部長 Chief, Immunotherapy Division, Shizuoka Cancer Center Research Institute	小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University
-------------------------	--	----------------------	---

動物実験委員会 所外委員 Animal Experiments Committee (Non-NIG members)

塩尻信義 SHIOJIRI, Nobuyoshi	静岡大学理学部教授 Professor, Faculty of Science, Shizuoka University		
-----------------------------	---	--	--

生物遺伝資源委員会 所外委員 Genetic Resources Committee (Non-NIG members)

明石 良 AKASHI, Ryo	宮崎大学農学部畜産草地科学科教授 Professor, Department of Animal and Grassland Science, Miyazaki University	江面 浩 EZURA, Hiroshi	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba
阿部 純 ABE, Jun	北海道大学大学院農学研究院教授 Professor, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University	大熊盛也 OHKUMA, Moriya	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室長 Head, Microbe Division, RIKEN BioResource Center
稲葉一男 INABA, Kazuo	筑波大学下田臨海実験センター長 Director, Shimoda Marine Research Center, University of Tsukuba	小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学長 President, Nara Institute of Science and Technology

岡田清孝 OKADA, Kiyotaka	自然科学研究機構理事 Executive Director, National Institutes of Natural Sciences	中村太郎 NAKAMURA, Taro	大阪市立大学大学院理学研究科教授 Professor, Graduate School of Science, Osaka City University
岡本 仁 OKAMOTO, Hitoshi	理化学研究所脳科学総合研究センター副センター長 Deputy Director, RIKEN Brain Science Institute	中村幸夫 NAKAMURA, Yukio	理化学研究所バイオリソースセンター細胞材料開発室長 Head, Cell Engineering Division, RIKEN BioResource Center
小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, RIKEN BioResource Center	長村登紀子 NAGAMURA, Tokiko	東京大学医科学研究所准教授 Associate Professor, Institute of Medical Science, The University of Tokyo
折原 裕 ORIHARA, Yutaka	東京大学大学院薬学研究所・薬学部准教授 Associate Professor, Graduate School of Pharmaceutical Sciences, Faculty of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo	那須田周平 NASUDA, Shuhei	京都大学大学院農学研究所准教授 Associate Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University
柏木昭彦 KASHIWAGI, Akihiko	広島大学大学院理学研究科附属両生類研究施設特任教授 Specially Appointed Professor, Institute for Amphibian Biology, Graduate School of Science, Hiroshima University	成瀬 清 NARUSE, Kiyoshi	自然科学研究機構基礎生物学研究所進化多様性生物学領域准教授 Associate Professor, Evolutionary Biology and Biodiversity, National Institute for Basic Biology
金子嘉信 KANEKO, Yoshinobu	大阪大学大学院工学研究科寄付講座教授 Endowed Chair Professor, Graduate School of Engineering, Osaka University	南部 篤 NAMBU, Atsushi	自然科学研究機構生理学研究所統合生理研究系教授 Professor, Department of Integrative Physiology, National Institute for Physiological Sciences
河地正伸 KAWACHI, Masanobu	国立環境研究所生物・生態系環境研究センター生物資源保存研究推進室長 Head, Biodiversity Resource Conservation Section, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies, National Institute for Environmental Studies	西尾 剛 NISHIO, Takeshi	東北大学大学院農学研究所教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
草場 信 KUSABA, Makoto	広島大学大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設長 Director, Laboratory of Plant Chromosome and Gene Stock, Graduate School of Science, Hiroshima University	仁田坂英二 NITASAKA, Eiji	九州大学大学院理学研究科講師 Lecturer, Graduate School of Science, Kyushu University
庫本高志 KURAMOTO, Takashi	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設准教授 Associate Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University	仁藤伸昌 NITO, Nobumasa	近畿大学生物工学部地域交流センター長 Director, Regional Exchange Center, Faculty of Biology-Oriented Science and Technology, Kinki University
桑山秀一 KUWAYAMA, Hidekazu	筑波大学生命環境系准教授 Associate Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	根本 博 NEMOTO, Hiroshi	農業生物資源研究所遺伝資源センター長 Director, Genetic Resources Center, National Institute of Agrobiological Sciences
小林正智 KOBAYASHI, Masatomo	理化学研究所バイオリソースセンター実験植物開発室長 Head, Experimental Plant Division, RIKEN BioResource Center	伴野 豊 BANNO, Yutaka	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Graduate School of Bio Resources and Bioenvironmental Science, Kyushu University
小原有弘 KOHARA, Arihiro	医薬基盤・健康・栄養研究所難病・疾患資源研究部培養資源研究室研究リーダー Research Leader, Department of Disease Bioresources Research, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition	平井啓久 HIRAI, Hirohisa	京都大学霊長類研究所長 Director, Primate Research Institute, Kyoto University
酒泉 満 SAKAIZUMI, Mitsuru	新潟大学自然科学系教授 Professor, Faculty of Science, Niigata University	深海 薫 FUKAMI-KOBAYASHI, Kaoru	理化学研究所バイオリソースセンター情報解析技術室長 Head, Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center
佐藤和広 SATO, Kazuhiro	岡山大学資源植物科学研究所附属大麦・野生植物資源研究センター教授 Professor, Barley and Wild Plant Resource Center, Research Institute for Bioresources, Okayama University	福田裕穂 FUKUDA, Hiroo	東京大学大学院理学系研究科教授 Professor, Graduate School of Science, The University of Tokyo
末盛博文 SUEMORI, Hirofumi	京都大学再生医科学研究所准教授 Associate Professor, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University	藤島政博 FUJISHIMA, Masahiro	山口大学大学院理工学研究科教授 Professor, Graduate School of Science and Engineering, Yamaguchi University
高野敏行 TAKANO, Toshiyuki	京都工芸繊維大学昆虫先端研究推進センターショウジョウバエ遺伝資源研究部門教授 Professor, Department of Drosophila Genomics and Genetic Resources, Kyoto Institute of Technology	松居靖久 MATSUI, Yasuhisa	東北大学加齢医学研究所附属医用細胞資源センター教授 Professor, Institute of Development, Aging and Cancer, Tohoku University
中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授 Professor, Division of Reproductive Engineering, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	松浦啓一 MATSUURA, Keiichi	国立科学博物館名誉研究員 Curator Emeritus, National Museum of Nature and Science
中川恭好 NAKAGAWA, Yasuyoshi	製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター生物資源利用促進課寄託・分譲推進室長 Director, Culture Collection Division, Biological Resource Center, National Institute of Technology and Evaluation	松田洋一 MATSUDA, Yoichi	名古屋大学大学院生命農学研究科附属鳥類バイオサイエンス研究センター長 Director, Avian Bioscience Research Center, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
中桐 昭 NAKAGIRI, Akira	鳥取大学農学部附属菌類きのこ遺伝資源研究センター長 Director, Fungus/Mushroom Resource and Research Center, Faculty of Agriculture, Tottori University	三谷昌平 MITANI, Shohei	東京女子医科大学医学部第二生理学教室主任教授 Head Professor, Department of Physiology, School of Medicine, Tokyo Women's Medical University

マウス小委員会 所外委員 Mouse Bioresource Committee (Non-NIG members)

荒木喜美 ARAKI, Kimi	熊本大学生命資源研究・支援センター疾患モデル分野教授 Professor, Division of Developmental Genetics, Institute of Resource Development and Analysis, Kumamoto University	林元展人 HAYASHIMOTO, Nobuhito	実験動物中央研究所 ICLAS モニタリングセンター長 Director, ICLAS Monitoring Center Central Institute for Experimental Animals
小幡裕一 OBATA, Yuichi	理化学研究所バイオリソースセンター長 Director, RIKEN BioResource Center	松田潤一郎 MATSUDA, Junichiro	医薬基盤・健康・栄養研究所難病・疾患資源研究部疾患モデル小動物研究室研究リーダー Research Leader, Laboratory of Experimental Animal Models and Experimental Animals Resource Bank, National Institute of Biomedical Innovation, Health and Nutrition
庫本高志 KURAMOTO, Takashi	京都大学大学院医学研究科附属動物実験施設准教授 Associate Professor, Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University	八神健一 YAGAMI, Ken-ichi	筑波大学医学医療系教授 Professor, Faculty of Medicine, University of Tsukuba
木南 凌 KOMINAMI, Ryo	新潟大学医学部名誉教授 Professor Emeritus, School of Medical Science, Niigata University	吉木 淳 YOSHIKI, Atsushi	理化学研究所バイオリソースセンター実験動物開発室長 Head, Experimental Animal Division, RIKEN BioResource Center
中瀧直己 NAKAGATA, Naomi	熊本大学生命資源研究・支援センター資源開発分野教授 Professor, Institute of Resource Development and Analysis, Division of Reproductive Engineering, Kumamoto University	米川博通 YONEKAWA, Hiromichi	東京都医学総合研究所シニア研究員 Senior Researcher, Tokyo Metropolitan Institute of Medical Science

イネ小委員会 所外委員 Rice Bioresource Committee (Non-NIG members)

芦苺基行 ASHIKARI, Motoyuki	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University	熊丸敏博 KUMAMARU, Toshihiro	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
石川隆二 ISHIKAWA, Ryuji	弘前大学農学生命科学部教授 Professor, Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University	土井一行 DOI, Kazuyuki	名古屋大学大学院生命農学研究科准教授 Associate Professor, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
江花薫子 EBANA, Kaworu	農業生物資源研究所主任研究員 Principal Researcher, National Institute of Agrobiological Sciences	松岡 信 MATSUOKA, Makoto	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University
奥本 裕 OKUMOTO, Yutaka	京都大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kyoto University	安井 秀 YASUI, Hideshi	九州大学大学院農学研究院准教授 Associate Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
川崎 努 KAWASAKI, Tsutomu	近畿大学農学部バイオサイエンス学科教授 Professor, Graduate School of Agriculture, Kinki University	横井修司 YOKOI, Shuji	大阪府立大学生命環境科学研究科教授 Professor, Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University
河瀬眞琴 KAWASE, Makoto	筑波大学生命環境系教授 Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba	吉村 淳 YOSHIMURA, Atsushi	九州大学大学院農学研究院教授 Professor, Faculty of Agriculture, Kyushu University
北野英己 KITANO, Hidemi	名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 Professor, Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University		

大腸菌小委員会 所外委員 E. Coli Bioresource Committee (Non-NIG members)

饗場弘二 AIBA, Hiroji	鈴鹿医療科学大学薬学部教授 Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Suzuka University of Medical Science	佐藤 勉 SATO, Tsutomu	法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University
秋山芳展 AKIYAMA, Yoshinori	京都大学ウイルス研究所教授 Professor, Institute for Virus Research, Kyoto University	関根靖彦 SEKINE, Yasuhiko	立教大学理学部教授 Professor, Department of Life Science, Rikkyo University
板谷光泰 ITAYA, Mitsuhiko	慶應義塾大学環境情報学部教授 Professor, Faculty of Environment and Information Studies, Keio University	田中 寛 TANAKA, Kan	東京工業大学資源化学研究所教授 Professor, Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology
伊藤維昭 ITO, Koreaki	京都産業大学研究機構シニアリサーチフェロー Senior Research Fellow, Research Organization, Kyoto Sangyo University	戸邊 亨 TOBE, Toru	大阪大学大学院医学系研究科教授 Professor, Graduate School of Medicine, Osaka University
小笠原直毅 OGASAWARA, Naotake	奈良先端科学技術大学院大学長 President, Nara Institute of Science and Technology	林 哲也 HAYASHI, Tetsuya	九州大学大学院医学研究院教授 Professor, Faculty of Medical Sciences, Kyushu University
小倉光雄 OGURA, Mitsuo	東海大学海洋研究所海洋生物センター教授 Professor, Institute of Oceanic Research and Development, Tokai University	矢口貴志 YAGUCHI, Takashi	千葉大学真菌医学研究センター准教授 Associate professor, Medical Mycology Research Center, Chiba University
片山 勉 KATAYAMA, Tsutomu	九州大学大学院薬学研究院教授 Professor, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Kyushu University	吉川博文 YOSHIKAWA, Hirofumi	東京農業大学応用生物科学部教授 Professor, Faculty of Applied Bio-Science, Tokyo University of Agriculture
川岸郁朗 KAWAGISHI, Ikuro	法政大学生命科学部教授 Professor, Faculty of Bioscience and Applied Chemistry, Hosei University	吉田健一 YOSHIDA, Ken-ichi	神戸大学大学院農学研究科教授 Professor, Graduate School of Agricultural Science, Kobe University

人を対象とする研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Research Involving Human Subject Committee (Non-NIG members)

青木久尚 AOKI, Hisanao	日本大学名誉教授 Emeritus Professor, Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立三島北高等学校教諭 Teacher, Mishima Kita High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University	野口基子 NOGUCHI, Motoko	静岡大学非常勤講師 Part-time Lecturer, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

ヒトゲノム・遺伝子解析研究倫理審査委員会 所外委員 Ethics of Human Genome Research Committee (Non-NIG members)

青木久尚 AOKI, Hisanao	日本大学名誉教授 Emeritus Professor, Nihon University	小林設郎 KOBAYASHI, Setsuro	静岡県立三島北高等学校教諭 Teacher, Mishima Kita High School
小田 司 ODA, Tsukasa	日本大学法学部教授 Professor, School of Law, Nihon University	野口基子 NOGUCHI, Motoko	静岡大学非常勤講師 Part-time Lecturer, Shizuoka University
黒澤健司 KUROSAWA, Kenji	神奈川県立こども医療センター部長 Director, Kanagawa Children's Medical Center	渡邊妙子 WATANABE, Taeko	佐野美術館館長 Curator, Sano Art Museum

利益相反委員会 所外委員 Conflict of Interests Committee (Non-NIG members)

瀬戸 篤 SETO, Atsushi	小樽商科大学大学院商学研究科教授 Professor, Graduate School of Commerce, Otaru University of Commerce
-----------------------	--

(2016年4月1日現在)

所長	桂 勲	Director-General	KATSURA, Isao
副所長	城石俊彦	Vice-Director	SHIROISHI, Toshihiko
副所長	荒木弘之	Vice-Director	ARAKI, Hiroyuki

分子遺伝研究系 Department of Molecular Genetics

研究主幹(兼) 荒木弘之 Head ARAKI, Hiroyuki

◦ 中心体生物学研究部門 Division of Centrosome Biology

教授	北川大樹	Prof.	KITAGAWA, Daiju
博士研究員	白土 玄	Postdoc	SHIRATSUCHI, Gen
日本学術振興会特別研究員	太田 緑	JSPS Research Fellow	OHTA, Midori
日本学術振興会特別研究員	吉場聡子	JSPS Research Fellow	YOSHIBA, Satoko
総研大 D5	土屋裕樹	D5 Student SOKENDAI	TSUCHIYA, Yuki
総研大 D4	グプタ, アクシャリ	D4 Student SOKENDAI	GUPTA, Akshari
総研大 D4	渡辺紘己	D4 Student SOKENDAI	WATANABE, Kohki

◦ 分子細胞工学研究部門 Division of Molecular Cell Engineering

教授	鐘巻将人	Prof.	KANEMAKI, Masato
博士研究員	夏目豊彰	Postdoc	NATSUME, Toyoaki
研究員	水口明美	Researcher	MIZUGUCHI, Akemi
研究員	鎌田福美	Researcher	KAMADA, Fukumi
総研大 D5 (学振特別研究員)	金原良樹	D5 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	KANEHARA, Yoshiki

細胞遺伝研究系 Department of Cell Genetics

研究主幹(兼) 荒木弘之 Head ARAKI, Hiroyuki

◦ 微生物遺伝研究部門 Division of Microbial Genetics

教授	荒木弘之	Prof.	ARAKI, Hiroyuki
助教	田中誠司	Assist. Prof.	TANAKA, Seiji
助教	日詰光治	Assist. Prof.	HIZUME, Kohji
博士研究員	矢倉 勝	Postdoc	YAGURA, Masaru

◦ 共生細胞進化研究部門 Division of Symbiosis and Cell Evolution

教授	宮城島進也	Prof.	MIYAGISHIMA, Shin-ya
助教	藤原崇之	Assist. Prof.	FUJIWARA, Takayuki
博士研究員	墨谷暢子	Postdoc	SUMIYA, Nobuko
博士研究員	廣岡俊亮	Postdoc	HIROOKA, Shunsuke
博士研究員	恵良厚子	Postdoc	ERA, Atsuko
博士研究員	大沼 亮	Postdoc	ONUMA, Ryo
博士研究員	大林龍胆	Postdoc	OHBAYASHI, Ryudo
総研大 D4	宇塚明洋	D4 Student SOKENDAI	UZUKA, Akihiro
総研大 D1	リン ウェイ, ジョン	D1 Student SOKENDAI	LIN WEI, Jong

個体遺伝研究系 Department of Developmental Genetics

研究主幹(兼) 川上浩一 Head KAWAKAMI, Koichi

◦ 形質遺伝研究部門 Division of Neurogenetics

教授	岩里琢治	Prof.	IWASATO, Takuji
助教	水野秀信	Assist. Prof.	MIZUNO, Hidenobu
博士研究員	香取将太	Postdoc	KATORI, Shota
博士研究員	罗 雯妹	Postdoc	LUO, Wenshu
総研大 D4 (学振特別研究員)	中沢信吾	D4 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	NAKAZAWA, Shingo
総研大 D2	カガサミ, ラーマサミ	D2 Student SOKENDAI	KANDASAMY, Ramasamy

◦ 初期発生研究部門 Division of Molecular and Developmental Biology

教授	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
助教	浅川和秀	Assist. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助教	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
博士研究員	田辺英幸	Postdoc	TANABE, Hideyuki
博士研究員	白木知也	Postdoc	SHIRAKI, Tomoya
博士研究員	小谷友理	Postdoc	KOTANI, Yuri
総研大 D5	アイラニ, デープック	D5 Student SOKENDAI	AILANI, Deepak
総研大 D4	ミラー, スティーブ	D4 Student SOKENDAI	MILLER, Steven Andrew
特別共同利用研究員	リー, エンファ	Special joint researcher (National Taiwan University)	LEE, Yen-Hua

集団遺伝研究系 Department of Population Genetics

研究主幹(兼) 斎藤成也 Head SAITOU, Naruya

◦ 集団遺伝研究部門 Division of Population Genetics

教授	斎藤成也	Prof.	SAITOU, Naruya
助教	ジナム, テイモシー A.	Assist. Prof.	JINAM, Timothy A.
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	ムハモディガバ, モルテザ	Special joint researcher	MAHMOUDISABER, Morteza

◦ 進化遺伝研究部門 Division of Evolutionary Genetics

教授	アカシ, ヒロシ	Prof.	AKASHI, Hiroshi
助教	松本知高	Assist. Prof.	MATSUMOTO, Tomotaka
総研大 D5	ミシュラ, ネハ	D5 Student SOKENDAI	MISHRA, Neha
総研大 D3	カワシマ, ケント ディエル	D3 Student SOKENDAI	KAWASHIMA, Kent Diel

◦ 生態遺伝学研究部門 Division of Ecological Genetics

教授	北野 潤	Prof.	KITANO, Jun
助教	石川麻乃	Assist. Prof.	ISHIKAWA, Asano
博士研究員	柿岡 諒	Postdoc	KAKIOKA, Ryo
日本学術振興会特別研究員	吉田恒太	JSPS Research Fellow	YOSHIDA, Kohta
日本学術振興会特別研究員	安齋 賢	JSPS Research Fellow	ANSAI, Satoshi
総研大 D5	伊藤文博	D5 Student SOKENDAI	ITO, Fumihito

総合遺伝研究系 Department of Integrated Genetics

研究主幹(兼) 角谷徹仁 Head KAKUTANI, Tetsuji

◦ 人類遺伝研究部門 Division of Human Genetics

教授	井ノ上逸朗	Prof.	INOUE, Ituro
助教	中岡博史	Assist. Prof.	NAKAOKA, Hirofumi
博士研究員	木村哲晃	Postdoc	KIMURA, Tetsuaki
博士研究員	早野崇英	Postdoc	HAYANO, Takahide
研究員	アーマッドルー, ソマイエ	Researcher	AHMADLOO, Somayeh
総研大 D5	富山哲朗	D5 Student SOKENDAI	TOMIYAMA, Tetsuro
総研大 D5	オマル, ワレド フェイン	D5 Student SOKENDAI	OMER, Waleed Hussein
総研大 D4	ロメロ, バネッサ	D4 Student SOKENDAI	ROMERO, Vanessa
総研大 D4 (学振特別研究員)	伊東潤平	D4 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	ITO, Jumpei
総研大 D4	秦 千比呂	D4 Student SOKENDAI	HATA, Chihiro

◦ 育種遺伝研究部門 Division of Agricultural Genetics

教授	角谷徹仁	Prof.	KAKUTANI, Tetsuji
助教	樽谷芳明	Assist. Prof.	TARUTANI, Yoshiaki
助教	稲垣宗一	Assist. Prof.	INAGAKI, Soichi
博士研究員	佐々木 卓	Postdoc	SASAKI, Taku
総研大 D5	保坂 碧	D5 Student SOKENDAI	HOSAKA, Aoi
総研大 D2	斎藤 絡	D2 Student SOKENDAI	SAITO, Raku

◦ 脳機能研究部門 Division of Brain Function

教授	平田 かつみ	Prof.	HIRATA, Tatsumi
助教	川崎能彦	Assist. Prof.	KAWASAKI, Takahiko
助教	トウー, ヤン	Assist. Prof.	ZHU, Yan
博士研究員	山内健太	Postdoc	YAMAUCHI, Kenta

新分野創造センター Center for Frontier Research

センター長(兼)	相賀裕美子	Head	SAGA, Yumiko
----------	-------	------	--------------

◦ 細胞空間制御研究室 Cell Dynamics and Organization Laboratory

准教授	小田 祥久	Assoc. Prof.	ODA, Yoshihisa
博士研究員	佐々木武馬	Postdoc	SASAKI, Takema
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	長島慶宜	Special joint researcher	NAGASHIMA, Yoshinobu
特別共同利用研究員 (東京大学大学院)	杉山友希	Special joint researcher	SUGIYAMA, Yuki

◦ 定量メカノバイオロジー研究室 Quantitative Mechanobiology Laboratory

准教授	島本 勇太	Assoc. Prof.	SHIMAMOTO, Yuta
研究員	青野 眞由美	Researcher	AONO, Mayumi
研究員	島本 美月	Researcher	SHIMAMOTO, Miyuki
日本学術振興会 特別研究員	高木 潤	JSPS Research Fellow	TAKAGI, Jun

系統生物研究センター Genetic Strains Research Center

センター長(兼)	仁木 宏典	Head	NIKI, Hironori
----------	-------	------	----------------

◦ 哺乳動物遺伝研究室 Mammalian Genetics Laboratory

教授	城石 俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko
助教	高田 豊行	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
助教	天野 孝紀	Assist. Prof.	AMANO, Takanori
博士研究員	岡(木曾) 彩子	Postdoc	OKA (KISO), Ayako
博士研究員	嵯峨井 知子	Postdoc	SAGAI, Tomoko
日本学術振興会 特別研究員	関 亮平	JSPS Research Fellow	SEKI, Ryohei
日本学術振興会 特別研究員	毛利 巨輔	JSPS Research Fellow	MOURI, Kousuke

◦ 発生工芸研究室 Mammalian Development Laboratory

教授	相賀裕美子	Prof.	SAGA, Yumiko
助教	加藤 謙	Assist. Prof.	KATO, Yuzuru
助教	安島 理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko
博士研究員	周 智	Postdoc	ZHOU, Zhi
博士研究員	平野 孝昌	Postdoc	HIRANO, Takamasa
博士研究員	趙 薇	Postdoc	ZHAO, Wei
博士研究員	プイ, ハン ピン	Postdoc	PUI, Han Pin
総研大 D5	櫻井 隆順	D5 Student SOKENDAI	SAKURAI, Takayuki
総研大 D5	坂口 あかね	D5 Student SOKENDAI	SAKAGUCHI, Akane
総研大 D3 (学振特別研究員)	福田 胡桃	D3 Student SOKENDAI JSPS Research Fellow DC	FUKUDA, Kurumi
総研大 D2	島田 龍輝	D2 Student SOKENDAI	SHIMADA, Tatsuki
総研大 D1	ライト, ダネル	D1 Student SOKENDAI	WRIGHT, Danelle

◦ マウス開発研究室 Mouse Genomics Resource Laboratory

准教授	小出 剛	Assoc. Prof.	KOIDE, Tsuyoshi
助教	吉見 一人	Assist. Prof.	YOSHIMI, Kazuto
博士研究員	堀井 康行	Postdoc	HORII, Yasuyuki
博士研究員	田邊 彰	Postdoc	TANAVE, Akira
総研大 D4	松本 悠貴	D4 Student SOKENDAI	MATSUMOTO, Yuki
総研大 D2	永山 博通	D2 Student SOKENDAI	NAGAYAMA, Hiromichi

◦ 小型魚類開発研究室 Model Fish Genomics Resource Laboratory

准教授	酒井 則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
助教	河崎 敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro
総研大 D5	竹本 一政	D5 Student SOKENDAI	TAKEMOTO, Kazumasa

◦ 植物遺伝研究室 Plant Genetics Laboratory

教授	佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka
助教	久保 貴彦	Assist. Prof.	KUBO, Takahiko
博士研究員	シェントン, マシュー	Postdoc	SHENTON, Matthew

◦ 原核生物遺伝研究室 Microbial Genetics Laboratory

教授	仁木 宏典	Prof.	NIKI, Hironori
助教	青木 敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
博士研究員	野崎 晋五	Postdoc	NOZAKI, Shingo
博士研究員	岡本 尚	Postdoc	OKAMOTO, Sho
博士研究員	矢野 晃一	Postdoc	YANO, Koichi
日本学術振興会 特別研究員	中井 亮佑	JSPS Research Fellow	NAKAI, Ryosuke
日本学術振興会 特別研究員	清家 泰介	JSPS Research Fellow	SEIKE, Taisuke

◦ 無脊椎動物遺伝研究室 Invertebrate Genetics Laboratory

特任教授	上田 龍	Project Prof.	UEDA, Ryu
助教	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
博士研究員	山本 雅敏	Postdoc	YAMAMOTO, Masatoshi

◦ 系統情報研究室 Genetic Informatics Laboratory

准教授	山崎 由紀子	Assoc. Prof.	YAMAZAKI, Yukiko
-----	--------	--------------	------------------

◦ 生物遺伝資源情報研究室 Genome Biology Laboratory

特任教授	小原 雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
助教	安達 佳樹	Assist. Prof.	ANDACHI, Yoshiki
博士研究員	金野 宏之	Postdoc	KONNO, Hiroyuki
博士研究員	鹿見 島 浩	Postdoc	KAGOSHIMA, Hiroshi
研究員	平木 秀明	Researcher	HIRAKI, Hideaki
研究員	植田 ゆみ子	Researcher	UETA, Yumiko

構造遺伝学研究中心 Structural Biology Center

センター長(兼)	澤 齊	Head	SAWA, Hitoshi
----------	-----	------	---------------

◦ 生体高分子研究室 Biological Macromolecules Laboratory

教授	前島 一博	Prof.	MAESHIMA, Kazuhiro
助教	井手 聖	Assist. Prof.	IDE, Satoru
助教	日比野 佳代	Assist. Prof.	HIBINO, Kayo
研究員	田村 佐知子	Researcher	TAMURA, Sachiko
日本学術振興会 特別研究員	野崎 慎	JSPS Research Fellow	NOZAKI, Tadasu
総研大 D4	今井 亮輔	D4 Student SOKENDAI	IMAI, Ryosuke
総研大 D3	端保 舞	D3 Student SOKENDAI	TANBO, Mai
総研大 D3	佐々木 飛鳥	D3 Student SOKENDAI	SASAKI, Asuka
総研大 D3	永島 峻甫	D3 Student SOKENDAI	NAGASHIMA, Ryosuke

◦ 細胞建築研究室 Cell Architecture Laboratory

教授	木村 暁	Prof.	KIMURA, Akatsuki
助教	木村 健二	Assist. Prof.	KIMURA, Kenji
博士研究員	菊池 隼平	Postdoc	KIKUCHI, Yohei
総研大 D5	山本 一徳	D5 Student SOKENDAI	YAMAMOTO, Kazunori

多細胞構築研究室 Multicellular Organization Laboratory

教授	澤 斉	Prof.	SAWA, Hitoshi
助教	伊原伸治	Assist. Prof.	IHARA, Shinji
博士研究員	金 銀華	Postdoc	JIN, Yinhua
博士研究員	中山創平	Postdoc	NAKAYAMA, Sohei

遺伝子回路研究室 Gene Network Laboratory

准教授	鈴木えみ子	Assoc. Prof.	SUZUKI, Emiko
助教	田守洋一郎	Assist. Prof.	TAMORI, Yoichiro
博士研究員	宮崎隆明	Postdoc	MIYAZAKI, Takaaki
特別共同利用研究員 (慶應義塾大学大学院)	森本健太	Special joint researcher	MORIMOTO, Kenta

生命情報研究センター Center for Information Biology

センター長(兼)	大久保公策	Head	OKUBO, Kousaku
----------	-------	------	----------------

遺伝情報分析研究室 Laboratory for DNA Data Analysis

准教授	池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
博士研究員	金城その子	Postdoc	KINJO, Sonoko
博士研究員	北村徳一	Postdoc	KITAMURA, Norikazu
博士研究員	松本 薫	Postdoc	MATSUMOTO, Kaoru
博士研究員	井元順一	Postdoc	IMOTO, Junichi
博士研究員	水谷尚志	Postdoc	MIZUTANI, Hisashi
研究員	村岡正文	Researcher	MURAOKA, Masafumi
日本学術振興会 特別研究員	湯山育子	JSPS Research Fellow	YUYAMA, Ikuko
総研大 D2	飯塚朋代	D2 Student SOKENDAI	IIZUKA, Tomoyo

生命ネットワーク研究室 Laboratory of Biological Networks

教授	有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
博士研究員	川島武士	Postdoc	KAWASHIMA, Takeshi
博士研究員	李 東かん	Postdoc	LI, Donghan
総研大 D4	田中 弥	D4 Student SOKENDAI	TANAKA, Wataru
総研大 D1	多田一風太	D1 Student SOKENDAI	TADA, Ipputa

大量遺伝情報研究室 Genome Informatics Laboratory

教授	中村保一	Prof.	NAKAMURA, Yasukazu
助教	神沼英里	Assist. Prof.	KAMINUMA, Eli
研究員	藤澤貴智	Researcher	FUJISAWA, Takatomo
研究員	望月孝子	Researcher	MOCHIZUKI, Takako

データベース運用開発研究室 Laboratory for Research and Development of Biological Databases

教授	高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
----	------	-------	-------------------

遺伝子発現解析研究室 Laboratory for Gene-Expression Analysis

教授	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
博士研究員	原 一夫	Postdoc	HARA, Kazuo

比較ゲノム解析研究室 Comparative Genomics Laboratory

特任准教授	豊田 敦	Project Assoc. Prof.	TOYODA, Atsushi
研究員	会津智幸	Researcher	AIZU, Tomoyuki
研究員	清岡美穂	Researcher	KIYOOKA, Miho
研究員	吉田 悟	Researcher	YOSHIDA, Satoru
研究員	石崎比奈子	Researcher	ISHIZAKI, Hinako
研究員	陳 薇	Researcher	CHEN, Wei
研究員	塚本ゆみ	Researcher	TSUKAMOTO, Yumi
研究員	許山肖子	Researcher	MOTOYAMA, Ayuko

ゲノム進化研究室 Genome Evolution Laboratory

教授	黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
博士研究員	山本 希	Postdoc	YAMAMOTO, Nozomi
博士研究員	東 光一	Postdoc	HIGASHI, Koichi

実験圃場 Experimental Farm

圃場長(兼)	野々村賢一	Head	NONOMURA, Ken-ichi
准教授	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助教	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi
博士研究員	劉 華	Postdoc	LIU, Hua
博士研究員	小野聖二郎	Postdoc	ONO, Seijiro

客員研究部門 Adjunct Faculty

核酸化学客員研究部門 Division of Nucleic Acid Chemistry

客員教授	ベルモント, アンドリュー S.	Visiting Prof.	BELMONT, Andrew S.
客員教授	デッカー, ジョブ	Visiting Prof.	DEKKER, Job

細胞質遺伝客員研究部門 Division of Cytoplasmic Genetics

客員准教授	チャン, フェン	Visiting Assoc. Prof.	ZHANG, Feng
客員教授	ディフレイ, ジョン F.X.	Visiting Prof.	DIFFLEY, John F.X.

生理遺伝客員研究部門 Division of Physiological Genetics

客員教授	スタニア, ディディエ	Visiting Prof.	STAINIER, Didier
客員教授	ゼン, ホンクイ	Visiting Prof.	ZENG, Hongkui

理論遺伝客員研究部門 Division of Theoretical Genetics

客員教授	エクコフィア, ローレント	Visiting Prof.	EXCOFFIER, Laurent
客員教授	ヤン, ジーヘン	Visiting Prof.	YANG, Ziheng

応用遺伝客員研究部門 Division of Applied Genetics

客員教授	ジョーデ, リン	Visiting Prof.	JORDE, Lynn
客員准教授	ジルバマン, ダニエル	Visiting Assoc. Prof.	ZILBERMAN, Daniel

放射線・アイソトープセンター Radioisotope Center

センター長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
----------	------	------	----------------

生物遺伝資源センター Genetic Resource Center

センター長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
----------	------	------	----------------

バイオリソース事業部 Division of Bioresources Management

部門長(兼)	仁木宏典	Head	NIKI, Hironori
教授(兼)	城石俊彦	Prof.	SHIROISHI, Toshihiko
教授(兼)	川上浩一	Prof.	KAWAKAMI, Koichi
教授(兼)	佐藤 豊	Prof.	SATO, Yutaka
特任教授(兼)	上田 龍	Project Prof.	UEDA, Ryu
特任教授(兼)	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
准教授(兼)	酒井則良	Assoc. Prof.	SAKAI, Noriyoshi
准教授(兼)	池尾一穂	Assoc. Prof.	IKEO, Kazuho
准教授(兼)	野々村賢一	Assoc. Prof.	NONOMURA, Ken-ichi
助教(兼)	高田豊行	Assist. Prof.	TAKADA, Toyoyuki
助教(兼)	浅川和秀	Assist. Prof.	ASAKAWA, Kazuhide
助教(兼)	武藤 彩	Assist. Prof.	MUTO, Akira
助教(兼)	河崎敏広	Assist. Prof.	KAWASAKI, Toshihiro

助教(兼)	近藤 周	Assist. Prof.	KONDO, Shu
助教(兼)	青木敬太	Assist. Prof.	AOKI, Keita
助教(兼)	久保貴彦	Assist. Prof.	KUBO, Takahiko
助教(兼)	津田勝利	Assist. Prof.	TSUDA, Katsutoshi

データベース事業部 Division of Bioresources Databases

部門長(兼)	山崎由紀子	Head	YAMAZAKI, Yukiko
--------	-------	------	------------------

先端ゲノミクス推進センター Advanced Genomics Center

センター長(兼)	桂 勲	Head	KATSURA, Isao
----------	-----	------	---------------

教授(兼)	黒川 顕	Prof.	KUROKAWA, Ken
特任教授(兼)	小原雄治	Project Prof.	KOHARA, Yuji
特任教授(兼)	藤山秋佐夫	Project Prof.	FUJIYAMA, Asao
特任准教授(兼)	豊田 敦	Project Assoc. Prof.	TOYODA, Atsushi
特任准教授(兼)	野口英樹	Project Assoc. Prof.	NOGUCHI, Hideki
特任准教授(兼)	近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
博士研究員(兼)	福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
研究員(兼)	江島史緒	Researcher	EJIMA, Fumiwo

DDBJセンター DDBJ Center

センター長(兼)	高木利久	Head	TAKAGI, Toshihisa
----------	------	------	-------------------

システム管理部門 High Performance Computing Division

部門長・特任准教授	小笠原 理	Head	OGASAWARA, Osamu
-----------	-------	------	------------------

データベース部門 Database Division

部門長(兼)	高木利久	Head	TAKAGI, Toshihisa
教授(兼)	中村保一	Prof.	NAKAMURA, Yasukazu
教授(兼)	有田正規	Prof.	ARITA, Masanori
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
助教(兼)	神沼英里	Assist. Prof.	KAMINUMA, Eii
博士研究員	李 慶範	Postdoc	LEE, KyungBum
博士研究員	大城戸利久	Postdoc	OKIDO, Toshihisa
博士研究員	小菅武英	Postdoc	KOSUGE, Takehide
博士研究員	児玉悠一	Postdoc	KODAMA, Yuichi
博士研究員	坂井勝呂	Postdoc	SAKAI, Katsunaga
博士研究員	真島 淳	Postdoc	MASHIMA, Jun
博士研究員	奥田喜弘	Postdoc	OKUDA, Yoshihiro

博士研究員	時松敏明	Postdoc	TOKIMATSU, Toshiaki
博士研究員	向田志保	Postdoc	MUKAIDA, Shiho
研究員	青野英雄	Researcher	AONO, Hideo
研究員	筒井波留	Researcher	TSUTSUI, Haru
研究員	福田亜沙美	Researcher	FUKUDA, Asami

情報基盤ユニット IT Unit

ユニット長(兼)	有田正規	Head	ARITA, Masanori
----------	------	------	-----------------

教授(兼)	高木利久	Prof.	TAKAGI, Toshihisa
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku

マウス研究支援ユニット Mouse Research Supporting Unit

ユニット長(兼)	相賀裕美子	Head	SAGA, Yumiko
----------	-------	------	--------------

助教(兼)	安島理恵子	Assist. Prof.	AJIMA, Rieko
-------	-------	---------------	--------------

動物飼育実験施設 Unit for Experimental Animal Care

施設長(兼)	小出 剛	Head	KOIDE, Tsuyoshi
--------	------	------	-----------------

助教(兼)	吉見一人	Assist. Prof.	YOSHIMI, Kazuto
-------	------	---------------	-----------------

創薬等支援技術基盤プラットフォーム Platform for Drug Discovery, Informatics and Structural Life Science

特任教授	五條堀 孝	Project Prof.	GOJOBORI, Takashi
特任教授	中村春木	Project Prof.	NAKAMURA, Haruki
特任教授	由良 敬	Project Prof.	YURA, Kei

知的財産室 Intellectual Property Unit

室長	鈴木睦昭	Director	SUZUKI, Mutsuaki
----	------	----------	------------------

リサーチ・アドミニストレーター室 Office for Research Development

室長・特任教授	広海 健	Director	HIROMI, Yasushi
リサーチ・アドミニストレーター	来栖光彦	Research Administrator	KURUSU, Mitsuhiko
助教	清野浩明	Assist. Prof.	SEINO, Hiroaki
博士研究員	小林百合	Postdoc	KOBAYASHI, Yuri
博士研究員	伊東真知子	Postdoc	ITOH, Machiko

Research Staff and Students of ROIS

ゲノムデータ解析支援センター Center for Genome Informatics

センター長(兼)	藤山秋佐夫	Head	FUJIYAMA, Asao
----------	-------	------	----------------

特任准教授	野口英樹	Project Assoc. Prof.	NOGUCHI, Hideki
特任准教授	近藤伸二	Project Assoc. Prof.	KONDO, Shinji
博士研究員	福多賢太郎	Postdoc	FUKUTA, Kentaro
研究員	江島史緒	Researcher	EJIMA, Fumiwo

ライフサイエンス統合データベースセンター Database Center for Life Science

遺伝研で研究しているメンバー Members at NIG

センター長(兼)	小原雄治	Head	KOHARA, Yuji
教授(兼)	大久保公策	Prof.	OKUBO, Kousaku
特任准教授	坊農秀雅	Project Assoc. Prof.	BONO, Hidemasa
特任助教	小野浩雅	Project Assist. Prof.	ONO, Hiromasa
特任助教	内藤雄樹	Project Assist. Prof.	NAITO, Yuki
特任助教	仲里猛留	Project Assist. Prof.	NAKAZATO, Takeru
研究員	大田達郎	Researcher	OHTA, Tazro

Staff of Administration Department and Technical Section | 管理部と技術課職員

管理部 Department of Administration

管理部長	General Manager	中島健次	NAKASHIMA, Kenji
総務企画課 General Affairs and Project Section			
課長	Manager	柴川芳範	SHIBAKAWA, Yoshinori
副課長	Deputy Manager	杉山 興	SUGIYAMA, Oki
▫ 総務・教育チーム General Affairs / Education Team			
係長(兼)	Subsection Chief	杉山 興	SUGIYAMA, Oki
▫ 人事・労務チーム Personnel Team			
係長	Subsection Chief	齊藤麻衣子	SAITO, Maiko
▫ 研究推進チーム Research Promotion Team			
係長	Subsection Chief	鈴木由美子	SUZUKI, Yumiko
財務課 Financial Affairs Section			
課長	Manager	小山浩幸	KOYAMA, Hiroyuki
副課長(施設担当)	Deputy Manager	岡嶋知洋	OKAJIMA, Tomohiro
▫ 財務チーム Financial Affairs Team			
係長	Subsection Chief	鈴木政敏	SUZUKI, Masatoshi
▫ 調達チーム Supplies Team			
係長	Subsection Chief	渡邊 晃	WATANABE, Akira
▫ 施設チーム Facilities Team			
係長	Subsection Chief	光江一之	MITSUE, Kazuyuki

技術課 Technical Section

課長	Manager	永口 貢	EIGUCHI, Mitsugu
基盤支援技術班 Research Infrastructure Technical Unit			
▫ 情報基盤支援チーム Information Technology Team			
係長	Subsection Chief	奈倉雅彦	NAGURA, Masahiko
▫ リソース開発支援チーム Resource Development Team			
係長	Subsection Chief	木曾 誠	KISO, Makoto
技術職員	Technical Staff	山谷宣子	YAMATANI, Noriko
プロジェクト技術班 Project Technical Unit			
班長	Unit Leader	古海弘康	FURUUMI, Hiroyasu
▫ プロジェクト支援チーム Project Support Team			
技術職員	Technical Staff	坂 季美子	SAKA, Kimiko
技術職員	Technical Staff	坂本佐知子	SAKAMOTO, Sachiko
▫ 遺伝資源事業支援チーム Genetic Resource Project Team			
係長	Subsection Chief	矢野弘之	YANO, Hiroyuki
技術職員	Technical Staff	宮林登志江	MIYABAYASHI, Toshie
施設機器技術班 Facility and Equipment Technical Unit			
▫ 共通機器チーム Common Equipment Team			
係長	Subsection Chief	大石あかね	OISHI, Akane
▫ 実験施設チーム Experimental Facility Team			
係長	Subsection Chief	前野哲輝	MAENO, Akiteru
技術職員	Technical Staff	今井悠二	IMAI, Yuji

所長	1	Director - General
教授	23	Professors
准教授	8	Associate Professors
助教	32	Assistant Professors
客員教授	10	Adjunct Professors
小計 (所長、客員教授を除く)	63	(excluding Director - General and Adjunct Professors) Subtotal
管理部	18	Administration Staffs
技術課	12	Technicians
合計 (所長、客員教授を除く)	93	(excluding Director - General and Adjunct Professors) Total

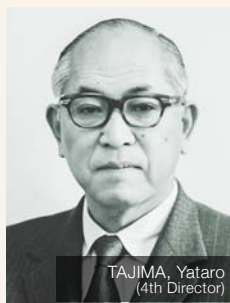
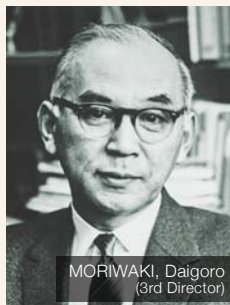
(2016年4月1日現在)

History

- 1949年 6月1日 文部省所轄研究所として設置
庶務部及び3研究部で発足
- 8月10日 小熊 捍 初代所長就任
- 1953年 1月1日 研究部を形質遺伝部, 細胞遺伝部,
生理遺伝部に改組
- 8月1日 生化学遺伝部設置
- 1954年 7月1日 応用遺伝部設置
- 1955年 9月15日 変異遺伝部設置
- 10月1日 木原 均 第2代所長就任



- 1960年 4月30日 人類遺伝部設置
- 1962年 4月1日 微生物遺伝部設置
- 1964年 4月1日 集団遺伝部設置
- 1969年 4月1日 森脇大五郎 第3代所長就任,
分子遺伝部設置
- 1974年 4月1日 植物保存研究室設置
- 1975年 3月1日 田島彌太郎 第4代所長就任
- 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設動物保存
研究室設置
- 1976年 10月1日 遺伝実験生物保存研究施設微生物保存
研究室設置
- 1983年 10月1日 松永 英 第5代所長就任
- 1984年 4月12日 大学共同利用機関に改組 遺伝実験
生物保存研究センター(哺乳動物保存・
無脊椎動物保存・植物保存・微生物
保存・遺伝資源の5研究室), 遺伝情
報研究センター(構造・組換えの2
研究室), 実験圃場設置
- 1985年 4月1日 遺伝情報研究センターに合成・遺伝
情報分析の2研究室を設置
- 1987年 1月12日 日本DNAデータバンク稼働
- 1988年 4月8日 放射線・アイソトープセンター設置,
遺伝情報研究センターにライブラリー
研究室を設置
- 10月1日 総合研究大学院大学生命科学研究科
遺伝学専攻設置
- 1989年 10月1日 富澤純一 第6代所長就任
- 1993年 4月1日 遺伝実験生物保存研究センターに発
生工学研究室を設置
- 1994年 6月24日 遺伝情報研究センターに遺伝子機能
研究室を設置
- 1995年 4月1日 生命情報研究センター設置
- 1996年 5月11日 構造遺伝学研究センター設置
(遺伝情報研究センターの改組)
(生体高分子研究室設置, 超分子機能・
構造制御・超分子構造・遺伝子回路
の4研究室振替)



- 1949 Jun. 1 Established under the jurisdiction of the
Ministry of Education, Science, Sports and
Culture. Started with an administrative
department and three research departments.
- Aug. 10 Prof. Kan Oguma was elected the 1st Director.
- 1953 Jan. 1 Three research departments were reorganized
as the Departments of Morphological
Genetics, Cytological Genetics and
Physiological Genetics.
- Aug. 1 Department of Biochemical Genetics was
added.
- 1954 Jul. 1 Department of Applied Genetics was added.
- 1955 Sep. 15 Department of Induced Mutation was added.
- Oct. 1 Prof. Hitoshi Kihara was elected the 2nd
Director.
- 1960 Apr. 30 Department of Human Genetics was added.
- 1962 Apr. 1 Department of Microbial Genetics was added.
- 1964 Apr. 1 Department of Population Genetics was
added.
- 1969 Apr. 1 Prof. Daigoro Moriwaki was elected the 3rd
Director. Department of Molecular Biology
was added.
- 1974 Apr. 1 Plant Genetic Stock Laboratory was
established.
- 1975 Mar. 1 Dr. Yataro Tajima was elected the 4th Director.
- Oct. 1 Animal Section was added in the Genetic
Stock Center.
- 1976 Oct. 1 Microbial Section was added in the Genetic
Stock Center.
- 1983 Oct. 1 Dr. Ei Matsunaga was elected the 5th Director.
- 1984 Apr. 12 Reorganized as an inter-university research
institute for joint use by universities. The DNA
Research Center (DNA Structure and
Recombinant DNA Laboratories) and the
Experimental Farm were established. The
Genetic Stock Research Center was
expanded into five laboratories: the Genetic
Resources Laboratory was added and the
Animal Section was divided into the
Mammalian and Invertebrate Laboratories.
- 1985 Apr. 1 The DNA Synthesis and DNA Data Analysis
Laboratories were added in the DNA
Research Center.
- 1987 Jan. 12 The DNA Data Bank of Japan began its
operations.
- 1988 Apr. 8 The Radio-isotope Center was established.
The Gene Library Laboratory was added in
the DNA Research Center.
- Oct. 1 The Graduate University for Advanced Studies
was established. The Department of Genetics,
School of Life Science of the University began
accepting students.
- 1989 Oct. 1 Dr. Jun-ichi Tomizawa was elected the 6th
Director.
- 1993 Apr. 1 The Mammalian Development Laboratory was
added in the Genetic Stock Research Center.
- 1994 Jun. 24 The Gene Function Research Laboratory was
added in the DNA Research Center.
- 1995 Apr. 1 The Center for Information Biology was
established.
- 1996 May. 11 The DNA Research Center was reorganized as
the Structural Biology Center consisting of
5 laboratories (Biological Macromolecules,
Molecular Biomechanism, Multicellular
Organization, Biomolecular Structure and
Gene Network).

- 1997年 4月1日 系統生物研究センター設置
(遺伝実験生物保存研究センターの改組)
(マウス系統研究分野哺乳動物遺伝研究室・発生工学研究室、イネ系統研究分野植物遺伝研究室、大腸菌系統研究分野原核生物遺伝研究室、無脊椎動物系統研究分野無脊椎動物遺伝研究室の5研究室振替)
生物遺伝資源情報総合センター設置
(系統情報研究室振替、生物遺伝資源情報研究室設置)
- 10月1日 堀田凱樹 第7代所長就任
- 1998年 4月9日 個体遺伝研究系に初期発生研究部門を設置、総合遺伝研究系に脳機能研究部門を設置
- 2001年 4月1日 生命情報・DDBJ研究センター設置(生命情報研究センターの改組)(分子分類研究室振替、データベース運用開発研究室設置、遺伝子発現解析研究室設置)
- 2002年 4月1日 系統生物研究センターに遺伝子改変系統開発研究分野マウス開発研究室、小型魚類開発研究室を設置
- 2003年 4月1日 分子遺伝研究系に分子機構研究室、系統生物研究センターに新分野創造研究室、生物遺伝資源情報総合センターに比較ゲノム解析研究室、広域知財権研究室を設置
- 2004年 4月1日 大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所設置
- 12月1日 小原雄治 第8代所長就任
- 2005年 4月1日 知的財産室を設置
- 2006年 4月1日 新分野創造センター設置
(細胞系譜研究室、神経形態研究室、細胞建築研究室設置)
- 2011年 10月1日 先端ゲノミクス推進センター設置
- 2012年 4月1日 研究センターの改組、共同利用事業センター(生物遺伝資源センター、DDBJセンター)、支援センター(情報基盤ユニット、マウス研究支援ユニット)を設置
- 12月1日 桂 勲 第9代所長就任
- 2014年 4月1日 リサーチ・アドミニストレーター室を設置
- 2015年 4月1日 動物飼育実験施設を設置



- 1997 Apr. 1 The Genetic Stock Research Center was reorganized as the Genetic Strains Research Center consisting of 5 laboratories (Mammalian Genetics, Mammalian Development, Plant Genetics, Microbial Genetics and Invertebrate Genetics), and as the Center for Genetic Resource Information consisting of 2 laboratories (Genetic Informatics and Genetic Resources).
- Oct. 1 Dr. Yoshiki Hotta was elected the 7th Director.
- 1998 Apr. 9 The Division of Early Embryogenesis was added in the Department of Developmental Genetics. The Division of Brain Function was added in the Department of Integrated Genetics.
- 2001 Apr. 1 The Center for Information Biology was reorganized as the Center for Information Biology and DNA Data Bank of Japan. The new center consists of 5 laboratories. The Laboratory of Molecular Classification of the former center was renamed as the Laboratory for Research and Development of Biological Databases in the new center. The Laboratory for Gene-Expression Analysis was added in the new center.
- 2002 Apr. 1 Two laboratories, Mouse Genomics Resource Laboratory and Model Fish Genomics Resource Laboratory, were added to the Genetic Strains Research Center.
- 2003 Apr. 1 The Molecular Mechanisms was added to the molecular Genetics. The Laboratory for Frontier Research was added to the Genetic Strains Research Center. Two laboratories, Comparative Genomics Laboratory and Publicity and Intellectual Property Unit, were added to the Center for Genetic Resource Information.
- 2004 Apr. 1 Reorganized as Research Organization of Information and Systems, Inter-University Research Institute Corporation, together with three other national institutes.
- Dec. 1 Dr. Yuji Kohara was elected the 8th Director.
- 2005 Apr. 1 Intellectual Property Unit was added.
- 2006 Apr. 1 The Center for Frontier Research was established. The Laboratory for Cell Lineage, Neural Morphogenesis and Cell Architecture was added in the new center.
- 2011 Oct. 1 Advanced Genomics Center was established.
- 2012 Apr. 1 Research centers were reorganized. Intellectual Infrastructure Centers (Genetic Resource Center and DDBJ Center) and Support Centers (IT Unit, Mouse Research Supporting Unit) were established.
- Dec. 1 Dr. Isao Katsura was elected the 9th Director.
- 2014 Apr. 1 Office for Research Development was added.
- 2015 Apr. 1 Unit for Experimental Animal Care was established.



Publications in 2015

Journal Title	Number
<i>Nature</i>	2
<i>Science</i>	1
<i>Cell</i>	1
<i>Nature Methods</i>	1
<i>Nature Genetics</i>	1
<i>Neuron</i>	1

Journal Title	Number
<i>Genome Research</i>	1
<i>J. Allergy. Clin. Immunol.</i>	1
<i>Nature Communications</i>	3
<i>Genome Biology</i>	1
<i>EMBO Journal</i>	1
<i>Ann. Rheumatic Diseases</i>	1

Journal Title	Number
<i>J. Cell Biology</i>	1
<i>Developmental Cell</i>	2
<i>PNAS</i>	5
<i>Nature Protocols</i>	1
<i>Current Biology</i>	1
<i>Plant Cell</i>	2

- Aghakhaniyan, F., Yunus, Y., Naidu, R., Jinam, T., Manica, A., Hoh, B.P., and Phipps, M.E. (2015) Unravelling the genetic history of Negritos and indigenous populations of Southeast Asia. *Genome Biol Evol* 7, 1206-1215.
- Ajima, R., Bisson, J.A., Helt, J.C., Nakaya, M.A., Habas, R., Tessarollo, L., He, X., Morrissy, E.E., Yamaguchi, T.P., and Cohen, E.D. (2015) DAAM1 and DAAM2 are co-required for myocardial maturation and sarcomere assembly. *Dev Biol* 408, 126-139.
- Akamatsu, Y., and Kobayashi, T. (2015) The Human RNA Polymerase I Transcription Terminator Complex Acts as a Replication Fork Barrier That Coordinates the Progress of Replication with rRNA Transcription Activity. *Mol Cell Biol* 35, 1871-1881.
- Akbari, O.S., Bellen, H.J., Bier, E., Bullock, S.L., Burt, A., Church, G.M., Cook, K.R., Duchek, P., Edwards, O.R., Esvelt, K.M., Gantz, V.M., Golic, K.G., Gratz, S.J., Harrison, M.M., Hayes, K.R., James, A.A., Kaufman, T.C., Knoblich, J., Malik, H.S., Matthews, K.A., O'Connor-Giles, K.M., and Parks, A.L., Perrimon, N., Port, F., Russell, S., Ueda, R., and Wildonger, J. (2015) BIOSAFETY Safeguarding gene drive experiments in the laboratory. *Science* 349, 927-929.
- Amakawa, Y., Sakata, Y., Hoki, Y., Arata, S., Shioda, S., Fukagawa, T., Sasaki, H., and Sado, T. (2015) A new Xist allele driven by a constitutively active promoter is dominated by Xist locus environment and exhibits the parent-of-origin effects. *Development* 142, 4299-4308.
- An, Y., Toyoda, A., Zhao, C., Fujiyama, A., and Agata, K. (2015) A colony multiplex quantitative PCR-Based 3S3DB method and variations of it for screening DNA libraries. *PLoS One* 10, e0116997.
- Aoki, K., Furuya, K., and Niki, H. (2015) Schizosaccharomyces japonicus: A Distinct Dimorphic Yeast Among the Fission Yeasts. *CSH Protocol*.
- Aoki-Kinoshita, K.F., Kinjo, A.R., Morita, M., Igarashi, Y., Chen, Y.A., Shigemoto, Y., Fujisawa, T., Akune, Y., Katoda, T., Kokubu, A., Mori, T., Nakao, M., Kawashima, S., Okamoto, S., Katayama, T., and Ogishima, S. (2015) Implementation of linked data in the life sciences at BioHackathon 2011. *J Biomed Semantics* 6, 3.
- Ara, T., Enomoto, M., Arita, M., Ikeda, C., Kera, K., Yamada, M., Nishioka, T., Ikeda, T., Nihei, Y., Shibata, D., Kanaya, S., and Sakurai, N. (2015) Metabolonote: a wiki-based database for managing hierarchical metadata of metabolome analyses. *Front Bioeng Biotechnol* 3, 38.
- Arata, Y., Takagi, H., Sako, Y., and Sawa, H. (2015) Power law relationship between cell cycle duration and cell volume in the early embryonic development of *Caenorhabditis elegans*. *Front Physiol* 5, 529.
- Auer, T.O., Xiao, T., Bercier, V., Gebhardt, C., Durore, K., Concordet, J.P., Wyatt, C., Suster, M., Kawakami, K., Wittbrodt, J., Baier, H., Del, and Bene F. (2015) Deletion of a kinesin I motor unmasks a mechanism of homeostatic branching control by neurotrophin-3. *Elife* 4, e05061.
- Bourgeois, A., Esteves, de Lima J., Charvet, B., Kawakami, K., Stricker, S., and Duprez, D. (2015) Stable and bicistronic expression of two genes in somite- and lateral plate-derived tissues to study chick limb development. *BMC Dev Biol* 15, 39.
- Chen, C.C., Fu, S.F., Norikazu, M., Yang, Y.W., Liu, Y.J., Ikeo, K., Gojobori, T., and Huang, H.J. (2015) Comparative miRNAs analysis of Two contrasting broccoli inbred lines with divergent head-forming capacity under temperature stress. *BMC Genomics* 16, 1026.
- Cheng, C., Tarutani, Y., Miyao, A., Ito, T., Yamazaki, M., Sakai, H., Fukai, E., and Hirochika, H. (2015) Loss of function mutations in the rice chromatin remodeler OsCTM3a cause a burst of transposition. *Plant J* 83, 1069-1081.
- Copetti, D., Zhang, J., El, Baidouri M., Gao, D., Wang, J., Barghini, E., Cossu, R.M., Angelova, A., Maldonado, L. C.E., Roffler, S., Ohyanagi, H., Wicker, T., Fan, C., Zuccolo, A., Chen, M., Costa, de Oliveira A., Han, B., Henry, R., Hsing, Y.I., Kurata, N., Wang, W., Jackson, S.A., Panaud, C., and Wing, R.A. (2015) RITE database: a resource database for genus-wide rice genomics and evolutionary biology. *BMC Genomics* 16, 538.
- Dudzic, J.P., Kondo, S., Ueda, R., Bergman, C.M., Lemaire, B. (2015) *Drosophila* innate immunity: regional and functional specialization of prophenoloxidases. *BMC Biol* 13, 81.
- Endo, A., Tanizawa, Y., Tanaka, N., Maeno, S., Kumar, H., Shiwa, Y., Okada, S., Yoshikawa, H., Dicks, L., Nakagawa, J., and Arita, M. (2015) Comparative genomics of *Fructobacillus* spp. and *Leuconostoc* spp. reveals niche-specific evolution of *Fructobacillus* spp. *BMC Genomics* 16, 1117.
- Fujii, G., Imamura, S., Era, A., Miyagishima, S.Y., Hanaoka, M., and Tanaka, K. (2015) The nuclear-encoded sigma factor SIG4 directly activates transcription of chloroplast psbA and ycf17 genes in the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *FEMS Microbiol Lett* 362.
- Fujiwara, T., Kanasaki, Y., Hirooka, S., Era, A., Sumiya, N., Yoshikawa, H., Tanaka, K., and Miyagishima, S.Y. (2015) A nitrogen source-dependent inducible and repressible gene expression system in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Front Plant Sci* 6, 657.
- Furuhashi, T., Ogawa, T., Naka, R., Nakazawa, M., Okazawa, K., Padersmochke, A., Nishio, K., Yokota, Hirai M., Arita, M., and Ohta, D. (2015) Wax ester and lipophilic compound profiling of *Euglena gracilis* by gas chromatography-mass spectrometry: toward understanding of wax ester fermentation under hypoxia. *Metabolomics* 11, 175-183.
- Garbacz, M., Araki, H., Flis, K., Bebenek, A., Zawada, A.E., Jonczyk, P., Makiela-Dzbenka, K., and Fijalkowska, I.J. (2015) Fidelity consequences of the impaired interaction between DNA polymerase epsilon and the GINS complex. *DNA Repair (Amst)* 29, 23-35.
- Gavelis, G.S., Hayakawa, S., White, R.A. 3rd, Gojobori, T., Suttle, C.A., Keeling, P.J., and Leander, B.S. (2015) Eye-like ocelloids are built from different endosymbiotically acquired components. *Nature* 523, 204-207.
- Guo, C., Nakazawa, Y., Woodbine, L., Bjorkman, A., Shimada, M., Fawcett, H., Jia, N., Ohya, K., Li, T.S., Nagayama, Y., Mitsutake, N., Pan-Hammarstrom, Q., Gennery, A.R., Lehmann, A.R., Jeggo, P.A., and Ogi, T. (2015) XRCC4 deficiency in human subjects causes a marked neurological phenotype but no overt immunodeficiency. *J Allergy Clin Immunol* 136, 1007-1017.
- Hamashima, K., Mori, M., Andachi, Y., Tomita, M., Kohara, Y., and Kanai, A. (2015) Analysis of genetic code ambiguity arising from nematode-specific misacylated tRNAs. *PLoS One* 10, e0116981.
- Hamed, M., Odul, J., Miller, A.S., Kawakami, K., and Kitamoto, A. (2015) NAS: Neuron Analyzer Suite for Automatic Analysis of Neuronal Activities from Calcium Imaging Data. *International Journal of Pharma Medicine and Biological Sciences* 4, 167-170.
- Hatanaka, Y., Namikawa, T., Yamauchi, K., and Kawaguchi, Y. (2015) Cortical Divergent Projections in Mice Originate from Two Sequentially Generated, Distinct Populations of Excitatory Cortical Neurons with Different Initial Axonal Outgrowth Characteristics. *Cereb Cortex*.
- Hayakawa, S., Takaku, Y., Hwang, J.S., Horiguchi, T., Suga, H., Gehring, W., Ikeo, K., and Gojobori, T. (2015) Function and evolutionary origin of unicellular camera-type eye structure. *PLoS One* 10, e0118415.
- Hayano, T., Yamada, S., Hosomichi, K., Nakaoka, H., Yoshihara, K., Adachi, S., Kashima, K., Tanaka, K., Enomoto, T., and Inoue, I. (2015) Identification of novel exonic mobile element insertions in epithelial ovarian cancers. *Human Genome Variation* 2, 15030.
- Hayashi, S., Kobayashi, T., Yano, T., Kamiyama, N., Egawa, S., Seki, R., Takizawa, K., Okabe, M., Yokoyama, H., and Tamura, K. (2015) Evidence for an amphibian sixth digit. *Zoological Lett* 1, 17.
- Hentze, J.L., Carlsson, M.A., Kondo, S., Nassel, D.R., and Rewitz, K.F. (2015) The Neuropeptide Allatostatin A Regulates Metabolism and Feeding Decisions in *Drosophila*. *Sci Rep* 5, 11680.
- Higaki, S., Shimada, M., Koyama, Y., Fujioka, Y., Sakai, N., and Takada, T. (2015) Development and characterization of an embryonic cell line from endangered endemic cyprinid Honmoroko *Gnathopogon caeruleus* (Sauvage, 1883). *In Vitro Cell Dev Biol Anim* 51, 763-768.
- Higuchi, T., Agostini, S., Casareto, B.E., Suzuki, Y., and Yuyama, I. (2015) The northern limit of corals of the genus *Acropora* in temperate zones is determined by their resilience to cold bleaching. *Sci Rep* 5, 18467.
- Hiraide, Y., Oshima, K., Fujisawa, T., Uesaka, K., Hirose, Y., Tsujimoto, R., Yamamoto, H., Okamoto, S., Nakamura, Y., Teruchi, K., Omata, T., Ihara, K., Hattori, M., and Fujita, Y. (2015) Loss of cytochrome cM stimulates cyanobacterial heterotrophic growth in the dark. *Plant Cell Physiol* 56, 334-345.
- Hiramatsu, N., Todo, T., Sullivan, C.V., Schilling, J., Reading, B.J., Matsubara, T., Ryu, Y.W., Mizuta, H., Luo, W., Nishimiya, O., Wu, M., Mushiobira, Y., Yilmaz, O., and Hara, A. (2015) Ovarian yolk formation in fishes: Molecular mechanisms underlying formation of lipid droplets and vitellogenin-derived yolk proteins. *Gen Comp Endocrinol* 221, 9-15.
- Hirata, H., Umemori, J., Yoshioka, H., Koide, T., Watanabe, K., and Shimoda, Y. (2016) Cell adhesion molecule contactin-associated protein 3 is expressed in the mouse basal ganglia during early postnatal stages. *J Neurosci Res* 94, 74-89.
- Hirose, Y., Suda, K., Liu, Y.G., Sato, S., Nakamura, Y., Yokoyama, K., Yamamoto, N., Hanano, S., Takita, E., Sakurai, N., Suzuki, H., Nakamura, Y., Kaneko, T., Yano, K., Tabata, S., and Shibata, D. (2015) The Arabidopsis TAC Position Viewer: a high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones aligned with the Arabidopsis thaliana Columbia-0 genome. *Plant J* 83, 1114-1122.
- Hoa, N.N., Akagawa, R., Yamasaki, T., Hirota, K., Sasa, K., Natsume, T., Kobayashi, J., Sakuma, T., Yamamoto, T., Komatsu, K., Kanemaki, M.T., Pommier, Y., Takeda, S., and Sasanuma, H. (2015) Relative contribution of four nucleases, CtIP, Dna2, Exo1 and Mre11, to the initial step of DNA double-strand break repair by homologous recombination in both the chicken DT40 and human TK6 cell lines. *Genes Cells* 20, 1059-1076.
- Hori, Y., and Kawaguchi, M. (2015) Higher detection sensitivity of anxiolytic effects of diazepam by ledge-free open arm with opaque walled closed arm elevated plus maze in male rats. *Behav Brain Res* 294, 131-140.
- Hori-Tanaka, Y., Yura, K., Takai-Igarashi, T., and Tanaka, H. (2015) Structural classification of steroid-binding sites on proteins by coarse-grained atomic environment and its correlation with their biological function. *Steroids* 96, 81-88.
- Horiuchi, Y., Harushima, Y., Fujisawa, H., Mochizuki, T., Fujita, M., Ohyanagi, H., and Kurata, N. (2015) Global expression differences and tissue specific expression differences in rice evolution result in two contrasting types of differentially expressed genes. *BMC Genomics* 16, 1099.
- Hosomichi, K., Shiina, T., Tajima, A., and Inoue, I. (2015) The impact of next-generation sequencing technologies on HLA research. *J Hum Genet* 60, 665-673.
- Huang, C.L., Pu, P.H., Huang, H.J., Sung, H.M., Liaw, H.J., Chen, Y.M., Chen, C.M., Huang, M.B., Osada, N., Gojobori, T., Pai, T.W., Chen, Y.T., Hwang, C.C., and Chiang, T.Y. (2015) Ecological genomics in *Xanthomonas*: the nature of genetic adaptation with homologous recombination and host shifts. *BMC Genomics* 16, 188.
- Hyakutake, K., Kawasaki, T., Zhang, J., Kubota, H., Abe, S.I., and Takamune, K. (2015) Asymmetrical allocation of JAK1 mRNA during spermatogonial stem cell division in *Xenopus laevis*. *Dev Growth Differ* 57, 389-399.
- Ide, S., and Dejardin, J. (2015) End-targeting proteomics of isolated chromatin segments of a mammalian ribosomal RNA gene promoter. *Nat Commun* 6, 6674.
- Igawa, T., Nozawa, M., Nagaoka, M., Komaki, S., Oumi, S., Fujii, T., and Sumida, M. (2015) Microsatellite marker development by multiplex ion torrent PGM sequencing: a case study of the endangered *Odorrana narina* complex of frogs. *J Hered* 106, 131-137.
- Imamura, S., Kawase, Y., Kobayashi, I., Sone, T., Era, A., Miyagishima, S.Y., Shimojima, M., Ohta, H., and Tanaka, K. (2015) Target of rapamycin (TOR) plays a critical role in triacylglycerol accumulation in microalgae. *Plant Mol Biol* 89, 309-318.
- Inagaki, S., Henry, I.M., Lieberman, M.C., and Comai, L. (2015) High-Throughput Analysis of T-DNA Location and Structure Using Sequence Capture. *PLoS One* 10, e0139672.
- Inoue, J., Sato, Y., Sinclair, R., Tsukamoto, K., and Nishida, M. (2015) Rapid genome reshaping by multiple-gene loss after whole-genome duplication in teleost fish suggested by mathematical modeling. *Proc Natl Acad Sci U S A* 112, 14918-14923.
- Inoue, K., Urushibara, K., Kanai, M., Yura, K., Fujii, S., Ishigami-Yuasa, M., Hashimoto, Y., Mori, S., Kawachi, E., Matsumura, M., Hirano, T., Kagechika, H., and Tanatani, A. (2015) Design and synthesis of 4-benzyl-1-(2H)-phthalazine derivatives as novel androgen receptor antagonists. *Eur J Med Chem* 102, 310-319.
- Ito, H., Hasegawa, K., Hasegawa, Y., Nishimaki, T., Hosomichi, K., Kimura, S., Ohba, M., Yao, H., Onimaru, M., Inoue, I., and Inoue, H. (2015) Silver Nanoscale Hexagonal Column Chips for Detecting Cell-free DNA and Circulating Nucleosomes in Cancer Patients. *Sci Rep* 5, 10455.
- Ito, T., Tarutani, Y., To, T.K., Kassam, M., Duvernois-Berthet, E., Cortijo, S., Takashima, K., Saze, H., Toyoda, A., Fujiyama, A., Colot, V., and Kakutani, T. (2015) Genome-wide negative feedback drives transgenerational DNA methylation dynamics in *Arabidopsis*. *PLoS Genet* 11, e1005154.
- Ito, T., Bai, T., Tanaka, T., Yoshida, K., Ueyama, T., Miyajima, M., Negishi, T., Kawasaki, T., Takamatsu, H., Kikutani, H., Kumanogoh, A., and Yukawa, K. (2015) Semaphorin 4D induces vaginal epithelial cell apoptosis to control mouse postnatal vaginal tissue remodeling. *Mol Med Rep* 11, 829-836.
- Ito, H., Shirakihara, Y., and Araki, H. (2015) The quaternary structure of the eukaryotic DNA replication proteins Sld7 and Sld3. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr* 71, 1649-1656.
- Ito, H., Yagura, M., Shirakihara, Y., and Itoh, T. (2015) Structural basis for replication origin unwinding by an initiator primase of plasmid ColE2-P9: duplex DNA unwinding by a single protein. *J Biol Chem* 290, 3601-3611.
- Iwata, R., Matsukawa, H., Yasuda, K., Mizuno, H., Itohara, S., and Iwasato, T. (2015) Developmental RacGAP alpha2-Chimaerin Signaling Is a Determinant of the Morphological Features of Dendritic Spines in Adulthood. *J Neurosci* 35, 13728-13744.
- Jia, N., Nakazawa, Y., Guo, C., Shimada, M., Sethi, M., Takahashi, Y., Ueda, H., and Nagayama, Y., Ogi, T. (2015) A rapid, comprehensive system for assaying DNA repair activity and cytotoxic effects of DNA-damaging reagents. *Nat Protoc* 10, 12-24.
- Jinam, T.A., Kanzawa-Kiriya, H., Inoue, I., Tokunaga, K., Omoto, K., and Saitou, N. (2015) Unique characteristics of the Ainu population in Northern Japan. *J Hum Genet* 60, 565-571.
- Jinam, T.A., Kanzawa-Kiriya, H., and Saitou, N. (2015) Human genetic diversity in the Japanese Archipelago: dual structure and beyond. *Genes Genet Syst* 90, 147-152.
- Kagoshima, H., and Kohara, Y. (2015) Co-expression of the transcription factors CEH-14 and TTX-1 regulates AFD neuron-specific genes *gcy-8* and *gcy-18* in *C. elegans*. *Dev Biol* 399, 325-336.
- Kamiyo, A., Yura, K., and Ogura, A. (2015) Distinct evolutionary rate in the eye field transcription factors found by estimation of ancestral protein structure. *Gene* 555, 73-79.
- Kanatani, S., Honda, T., Aramaki, M., Hayashi, K., Kubo, K., Ishida, M., Tanaka, D.H., Kawauchi, T., Sekine, K.,

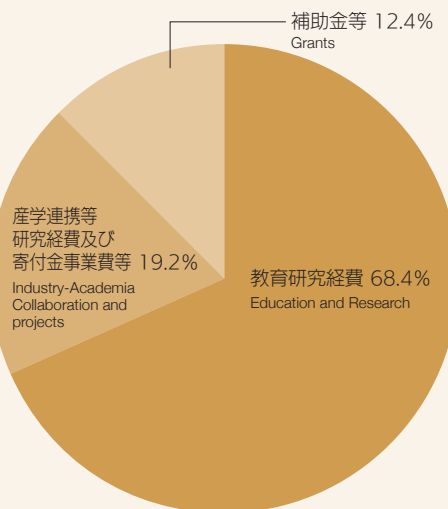
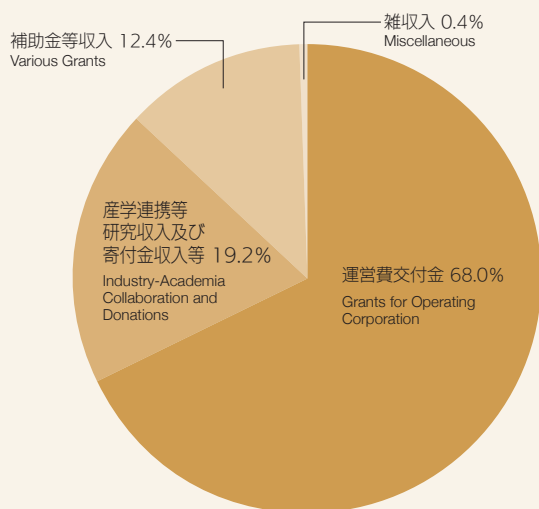
- Kusuzawa, S., Kawasaki, T., Hirata, T., Tabata, H., Uhlen, P., and Nakajima, K. (2015) The COUP-TFII/Neuropilin-2 is a molecular switch steering diencephalon-derived GABAergic neurons in the developing mouse brain. *Proc Natl Acad Sci U S A* 112, E4985-94.
- Katagiri, S., Hayashi, T., Kondo, M., Tsukitome, H., Yoshitake, K., Akahori, M., Ikeo, K., Tsuneoka, H., and Iwata, T. (2015) RPE65 Mutations in Two Japanese Families with Leber Congenital Amaurosis. *Ophthalmic Genet* 27, 1-9.
- Katagiri, S., Hayashi, T., Yoshitake, K., Sergeev, Y., Akahori, M., Furuno, M., Nishino, J., Ikeo, K., Tsunoda, K., Tsuneoka, H., and Iwata, T. (2015) Congenital Achromatopsia and Macular Atrophy Caused by a Novel Recessive PDE6C Mutation (p.E591K). *Ophthalmic Genet* 36, 137-144.
- Kato, H., Ogawa, N., Ohtsubo, Y., Oshima, K., Toyoda, A., Mori, H., Nagata, Y., Kurokawa, K., Hattori, M., Fujiyama, A., and Tsuda, M. (2015) Complete Genome Sequence of a Phenanthrene Degrader, *Mycobacterium* sp. Strain EPA45 (NBRC 110737), Isolated from a Phenanthrene-Degrading Consortium. *Genome Announc* 3, e00782.
- Kato, H., Mori, H., Maruyama, F., Toyoda, A., Oshima, K., Endo, R., Fuchu, G., Miyakoshi, M., Dozono, A., Ohtsubo, Y., Nagata, Y., Hattori, M., Fujiyama, A., Kurokawa, K., and Tsuda, M. (2015) Time-series metagenomic analysis reveals robustness of soil microbiome against chemical disturbance. *DNA Res* 22, 413-424.
- Kawafune, K., Hongo, Y., Hamaji, T., Sakamoto, T., Kurata, T., Hirooka, S., Miyagishima, S.Y., and Nozaki, H. (2015) Two different rickettsial bacteria invading *Volvox carterii*. *PLoS One* 10, e0116192.
- Kawajiri, M., Fujimoto, S., Yoshida, K., Yamahira, K., and Kitano, J. (2015) Genetic Architecture of the Variation in Male-Specific Ossified Processes on the Anal Fins of Japanese Medaka. *G3 (Bethesda)* 5, 2875-2884.
- Kawamoto, Y., Sasaki, A., Hashiya, K., Ide, S., Bando, T., Maeshima, K., and Sugiyama, H. (2015) Tandem trimer pyramite-imidazole polyamide probes targeting 18 base pairs in human telomere sequences. *Chem. Sci.*, 6, 2307-2312.
- Kawano, S., Fujisawa, H., Takada, T., and Shiroishi, T. (2015) Sparse principal component regression with adaptive loading. *Computational Statistics & Data Analysis* 89, 192-203.
- Kimura, A., Celani, A., Nagao, H., Stasevich, T., and Nakamura, K. (2015) Estimating cellular parameters through optimization procedures: elementary principles and applications. *Front Physiol* 6, 60.
- Kobayashi, T., Iwamoto, Y., Takashima, K., Isomura, A., Kosodo, Y., Kawakami, K., Nishiochi, T., Kaibuchi, K., and Kagiyama, R. (2015) Deubiquitinating enzymes regulate Hes1 stability and neuronal differentiation. *FEBS J* 282, 2411-2423.
- Kobl Müller, S., Albertson, R.C., Genner, M.J., Sefo, K.M., and Takahashi, T. (2015) Preface: Advances in cichlid research: behavior, ecology, and evolutionary biology. *Hydrobiologia* 748, 1-5.
- Kochi, T., Shimizu, M., Shirakami, Y., Yoshimi, K., Kuramoto, T., Tanaka, T., Moriwaki, H. (2015) Utility of Apc-mutant rats with a colitis-associated colon carcinogenesis model for chemoprevention studies. *Eur J Cancer Prev* 24, 180-187.
- Kodama, Y., Mashima, J., Kosuge, T., Katayama, T., Fujisawa, T., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Takagi, T., and Nakamura, Y. (2015) The DDBJ Japanese Genotype-phenotype Archive for genetic and phenotypic human data. *Nucleic Acids Res* 43, D18-22.
- Kohn, A.B., Sanford, R.S., Yoshida, M.A., and Moroz, L.L. (2015) Parallel Evolution and Lineage-Specific Expansion of RNA Editing in Ctenophores. *Integr Comp Biol* 55, 1111-1120.
- Kotani, Y., Morito, D., Yamazaki, S., Oginio, K., Kawakami, K., Takashima, S., Hirata, H., and Nagata, K. (2015) Neuromuscular regulation in zebrafish by a large AAA+ ATPase/ubiquitin ligase, mysterin/RNF213. *Sci Rep* 5, 16161.
- Koyanagi, M., Wada, S., Kawano-Yamashita, E., Hara, Y., Kuraku, S., Kosaka, S., Kawakami, K., Tamotsu, S., Tsukamoto, H., Shichida, Y., and Terakita, A. (2015) Diversification of non-visual photopigment parvalbumin in spectral sensitivity for diverse pineal functions. *BMC Biol* 13, 73.
- Kubo, T., Takashi, T., Ashikari, M., Yoshimura, A., and Kurata, N. (2016) Two Tightly Linked Genes at the *hst1* Locus Cause Both F1 and F2 Hybrid Sterility in Rice. *Mol Plant* 9, 221-232.
- Kubota, S., Iwasaki, T., Hanada, K., Nagano, A.J., Fujiyama, A., Toyoda, A., Sugano, S., Suzuki, Y., Hikosaka, K., Ito, M., and Morinaga, S. (2015) A Genome Scan for Genes Underlying Microgeographic-Scale Local Adaptation in a Wild Arabidopsis Species. *PLoS Genet* 11, e1005361.
- Kudo, Y., Nikaïdo, M., Kondo, A., Suzuki, H., Yoshida, K., Kikuchi, K., and Okada, N. (2015) A microsatellite-based genetic linkage map and putative sex-determining genomic regions in Lake Victoria cichlids. *Gene* 560, 156-164.
- Kuniyoshi, K., Sakuramoto, H., Yoshitake, K., Ikeo, K., Furuno, M., Tsunoda, K., Kusaka, S., Shimomura, Y., and Iwata, T. (2015) Reduced rod electroretinograms in carrier parents of two Japanese siblings with autosomal recessive retinitis pigmentosa associated with PDE6B gene mutations. *Doc Ophthalmol* 131, 71-79.
- Kuniyoshi, K., Ikeo, K., Sakuramoto, H., Furuno, M., Yoshitake, K., Hatakeyama, Y., Nakao, A., Tsunoda, K., Kusaka, S., Shimomura, Y., and Iwata, T. (2015) Novel nonsense and splice site mutations in *CRB1* gene in two Japanese patients with early-onset retinal dystrophy. *Doc Ophthalmol* 130, 49-55.
- Kuramoto, T., Yokoe, M., Tanaka, D., Yuri, A., Nishitani, A., Higuchi, Y., Yoshimi, K., Tanaka, M., Kuwamura, M., Hiai, H., Kabashima, K., and Serikawa, T. (2015) Atopic dermatitis-like skin lesions with IgE hyperproduction and pruritus in *KFRS4/Kyo* rats. *J Dermatol Sci* 80, 116-123.
- Kurata, T., Nakanishi, S., Hashimoto, M., Taoka, M., Yamazaki, Y., Isobe, T., and Kato, J. (2015) Novel essential gene involved in 16S rRNA processing in *Escherichia coli*. *J Mol Biol* 427, 955-965.
- Li, D., Ono, N., Sato, T., Sugiura, T., Altaf-Ul-Amin, M., Ohta, D., Suzuki, H., Arita, M., Tanaka, K., Ma, Z., and Kanaya, S. (2015) Targeted Integration of RNA-Seq and Metabolite Data to Elucidate Curcuminoid Biosynthesis in Four Curcuma Species. *Plant Cell Physiol* 56, 843-851.
- Liang, Z., Zickler, D., Prentiss, M., Chang, F.S., Witz, G., Maeshima, K., and Kleckner, N. (2015) Chromosomes Progress to Metaphase in Multiple Discrete Steps via Global Compaction/Expansion Cycles. *Cell* 161, 1124-1137.
- Lizio, M., Harshbarger, J., Shimoi, H., Severin, J., Kasukawa, T., Sahin, S., Abugessaisa, I., Fukuda, S., Hori, F., Ishikawa-Kato, S., Mungall, C.J., Arner, E., Bailly, J.K., Bertin, N., Bono, H., de Hoon, M., Diehl, A.D., Dimont, E., Freeman, T.C., Fujieda, K., Hide, W., Kaliyaperumal, R., Katayama, T., Lassmann, T., Meehan, T.F., Nishikata, K., Ono, H., Rehli, M., Sandelin, A., Schultes, E.A., t. Hoen, P.A., Tatum, Z., Thompson, M., Toyoda, T., Wright, D.W., Daub, C.O., Itoh, M., Carninci, P., Hayashizaki, Y., Forrest, A.R., and Kawaji, H. (2015) Gateways to the FANTOM5 promoter level mammalian expression atlas. *Genome Biol* 16, 22.
- Maeshima, K., Kaizu, K., Tamura, S., Nozaki, T., Kokubo, T., and Takahashi, K. (2015) The physical size of transcription factors is key to transcriptional regulation in chromatin domains. *J Phys Condens Matter* 27, 064116.
- Mallik, S., Akashi, H., and Kundu, S. (2015) Assembly constraints drive co-evolution among ribosomal constituents. *Nucleic Acids Res* 43, 5352-5363.
- Mashima, J., Kodama, Y., Kosuge, T., Fujisawa, T., Katayama, T., Nagasaki, H., Okuda, Y., Kaminuma, E., Ogasawara, O., Okubo, K., Nakamura, Y., and Takagi, T. (2016) DNA data bank of Japan (DDBJ) progress report. *Nucleic Acids Res* 44, D51-7.
- Matsubara, Y., Kato, T., Kashimada, K., Tanaka, H., Zhi, Z., Ichinose, S., Mizutani, S., Morio, T., Chiba, T., Ito, Y., Saga, Y., Takada, S., and Asahara, H. (2015) TALEN-Mediated Gene Disruption on Y Chromosome Reveals Critical Role of EIF2S3Y in Mouse Spermatogenesis. *Stem Cells Dev* 24, 1164-1170.
- Matsui, M., Yokoyama, T., Nemoto, K., Kumagai, T., Terai, G., Arita, M., Machida, M., and Shibata, T. (2015) Genome Sequence of Fungal Species No.11243, Which Produces the Antifungal Antibiotic FR901469. *Genome Announc* 3, e00118.
- Matsumoto, T., Mineta, K., Osada, N., and Araki, H. (2015) An Individual-Based Diploid Model Predicts Limited Conditions Under Which Stochastic Gene Expression Becomes Advantageous. *Front Genet* 6, 336.
- Matsumoto, T., Yasumoto, A.A., Nitta, K., Hirota, S.K., Yahara, T., and Tachida, H. (2015) Difference in flowering time can initiate speciation of nocturnally flowering species. *J Theor Biol* 370, 61-71.
- Matsumoto, T., Akashi, H., and Yang, Z. (2015) Evaluation of Ancestral Sequence Reconstruction Methods to Infer Nonstationary Patterns of Nucleotide Substitution. *Genetics* 200, 873-890.
- Matsunami, M., Kitano, J., Kishida, O., Michimae, H., Miura, T., and Nishimura, K. (2015) Transcriptome analysis of predator- and prey-induced phenotypic plasticity in the Hokkaido salamander (*Hynobius retardatus*). *Mol Ecol* 24, 3064-3076.
- Matsuno, M., Horichi, J., Yuasa, Y., Ofusa, K., Miyashita, T., Masuda, T., and Saitoe, M. (2015) Long-term memory formation in *Drosophila* requires training-dependent glial transcription. *J Neurosci* 35, 5557-5565.
- Matsuo, H., Yamamoto, K., Nakaoka, H., Nakayama, A., Sakiyama, M., Chiba, T., Takahashi, A., Nakamura, T., Nakashima, H., Takada, Y., Danjoh, I., Shimizu, S., Abe, J., Kawamura, Y., Terashige, S., Ogata, H., Tatsukawa, S., Yin, G., Okada, R., Morita, E., Naito, M., Tokumasa, A., Onoue, H., Iwaya, K., Ito, T., Takada, T., Inoue, K., Kato, Y., Nakamura, Y., Sakurai, Y., Suzuki, H., Kanai, Y., Hosoya, T., Hamajima, N., Inoue, I., Kubo, M., Ichida, K., Ooyama, H., Shimizu, T., and Shinomiya, N. (2015) Genome-wide association study of clinically defined gout identifies multiple risk loci and its association with clinical subtypes. *Ann Rheum Dis* 0, 1-8.
- Mineta, K., Matsumoto, T., Osada, N., and Araki, H. (2015) Population genetics of non-genetic traits: evolutionary roles of stochasticity in gene expression. *Gene* 562, 16-21.
- Mita, S., de Monasterio-Schrader P., Funschilling, U., Kawasaki, T., Mizuno, H., Iwasato, T., Nave, K.A., Werner, H.B., and Hirata, T. (2015) Transcallosal Projections Require Glycoprotein M6-Dependent Neurite Growth and Guidance. *Cereb Cortex* 25, 4111-4125.
- Mito, T., Ishizaki, H., Suzuki, M., Morishima, H., Ota, A., Ishikawa, K., Nakada, K., Maeno, S., Shiroishi, T., and Hayashi, J. (2015) Mitochondrial mito-miceDelta and mtDNA mutator mice, but not aged mice, share the same spectrum of musculoskeletal disorders. *Biochem Biophys Res Commun* 456, 933-937.
- Mitsunaga, S., Hosomichi, K., Okudaira, Y., Nakaoka, H., Suzuki, Y., Kuwana, M., Sato, S., Kaneko, Y., Homma, Y., Oka, A., Shina, T., Inoko, H., and Inoue, I. (2015) Aggregation of rare/low-frequency variants of the mitochondria respiratory chain-related proteins in rheumatoid arthritis patients. *J Hum Genet* 60, 449-454.
- Miura, H., Inoko, H., Tanaka, M., Nakaoka, H., Kimura, M., Gurumurthy, C.B., Sato, M., and Ohtsuka, M. (2015) Assessment of Artificial miRNA Architectures for Higher Knockdown Efficiencies without the Undesired Effects in Mice. *PLoS One* 10, e0135919.
- Miyagi, R., Akiyama, N., Osada, N., and Takahashi, A. (2015) Complex patterns of cis-regulatory polymorphisms in ebony underlie standing pigmentation variation in *Drosophila melanogaster*. *Mol Ecol* 24, 5829-5841.
- Miyazaki, S., Sato, Y., Asano, T., Nagamura, Y., and Nonomura, K. (2015) Rice MEL2, the RNA recognition motif (RRM) protein, binds in vitro to meiosis-expressed genes containing U-rich RNA consensus sequences in the 3'-UTR. *Plant Mol Biol* 89, 293-307.
- Monteiro, D.C., Patel, V., Bartlett, C.P., Nozaki, S., Grant, T.D., Gowdy, J.A., Thompson, G.S., Kalverda, A.P., Snell, E.H., Niki, H., Pearson, A.R., and Webb, M.E. (2015) The structure of the PanD/PanZ protein complex reveals negative feedback regulation of pantothenate biosynthesis by coenzyme A. *Chem Biol* 22, 492-503.
- Nagpal, H., Hori, T., Furukawa, A., Sugase, K., Osakabe, A., Kurumizaka, H., and Fukagawa, T. (2015) Dynamic changes in CCAN organization through CENP-C during cell-cycle progression. *Mol Biol Cell* 26, 3768-3776.
- Naito, Y., Hino, K., Bono, H., and Li-Tei, K. (2015) CRISPRdirect: software for designing CRISPR/Cas guide RNA with reduced off-target sites. *Bioinformatics* 31, 1120-1123.
- Nakai, R., Baba, T., Niki, H., Nishijima, M., and Naganuma, T. (2015) Aurantimicrobium minutum gen. nov., sp. nov., a novel ultramicrobacterium of the family Microbacteriaceae, isolated from river water. *Int J Syst Evol Microbiol* 65, 4072-4079.
- Nakai, Y., and Naganuma, T. (2015) Oligoflexia, the newest class of the phylum Proteobacteria, consisting of only one cultured species and uncultured bacterial phylotypes from diverse habitats. *Phylogenetics and Evolutionary Biology* 3, 100141-.
- Nakaoka, H., and Inoue, I. (2015) Distribution of HLA haplotypes across Japanese Archipelago: similarity, difference and admixture. *J Hum Genet* 60, 683-690.
- Nakaoka, Y., Kimura, A., Tani, T., and Goshima, G. (2015) Cytoplasmic nucleation and atypical branching nucleation generate endoplasmic microtubules in *Physcomitrella patens*. *Plant Cell* 27, 228-242.
- Nakayama, S., Arima, K., Kawai, K., Inui, C., Sugano, W., Koba, H., Tamada, K., Nakata, Y.J., Kishimoto, K., Arai-Shindo, M., Kojima, C., Matsumoto, T., Fujimori, T., Agata, K., and Funayama, N. (2015) Dynamic Transport and Cementation of Skeletal Elements Build Up the Pole-and-Beam Structured Skeleton of *Sponges*. *Curr Biol* 25, 2549-2554.
- Niihama, M., Mochizuki, M., Kurata, N., and Nonomura, K. (2015) PCR-based INDEL markers co-dominant between *Oryza sativa*, japonica cultivars and closely-related wild *Oryza* species. *Breed Sci* 65, 357-361.
- Nishikawa, H., Iijima, T., Kajitani, R., Yamaguchi, J., Ando, T., Suzuki, Y., Sugano, S., Fujiyama, A., Kosugi, S., Hirakawa, H., Tabata, S., Ozaki, K., Morimoto, H., Ihara, K., Obara, M., Hori, H., Itoh, T., and Fujiwara, H. (2015) A genetic mechanism for female-limited Batesian mimicry in Papilio butterfly. *Nat Genet* 47, 405-409.
- Nojima, Y., Ito, K., Ono, H., Nakazato, T., Bono, H., Yokoyama, T., Sato, R., Suetsugu, Y., Nakamura, Y., Yamamoto, K., Satoh, J., Tabunoki, H., and Fugo, H. (2015) Superoxide dismutases, SOD1 and SOD2, play a distinct role in the fat body during pupation in silkworm *Bombyx mori*. *PLoS One* 10, e0116007.
- Oda, Y., Iida, Y., Nagashima, Y., Sugiyama, Y., and Fukuda, H. (2015) Novel coiled-coil proteins regulate excitatory association with cortical microtubules in xylem cells via the conserved oligomeric golgi-complex 2 protein. *Plant Cell Physiol* 56, 277-282.
- Oda, Y. (2015) Cortical microtubule rearrangements and cell wall patterning. *Front Plant Sci* 6, 236.
- Oginio, K., Low, S.E., Yamada, K., Saint-Amant, L., Zhou, W., Muto, A., Asakawa, K., Nakai, J., Kawakami, K., Kuwada, J.Y., and Hirata, H. (2015) RING finger protein 121 facilitates the degradation and membrane localization of voltage-gated sodium channels. *Proc Natl Acad Sci U S A* 112, 2859-2864.
- Ohta, S., Wood, L., Toramoto, I., Yagyu, K., Fukagawa, T., and Earnshaw, W.C. (2015) CENP-32 is required to maintain centrosomal dominance in bipolar spindle assembly. *Mol Biol Cell* 26, 1225-1237.
- Ohyanagi, H., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Ozaki, S., Kudo, T., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Aoki, K., Kubo, Y., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Yano, K. (2015) Plant Omics Data Center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. *Plant Cell Physiol* 56, e9.
- Ohyanagi, H., Obayashi, T., and Yano, K. (2015) Editorial: Plant and Cell Physiology's 2015 database issue. *Plant Cell Physiol* 56, 4-6.
- Okazaki, K., Miyagishima, S.Y., and Wada, H. (2015) Phosphatidylinositol 4-phosphate negatively regulates chloroplast division in Arabidopsis. *Plant Cell* 27, 663-674.
- Okumura, T., Sasamura, T., Inatomi, M., Hozumi, S., Nakamura, M., Hatori, R., Taniguchi, K., Nakazawa, N., Suzuki, E., Maeda, R., Yamakawa, T., and Matsuno, K. (2015) Class I myosins have overlapping and specialized functions in left-right asymmetric development in *Drosophila*. *Genetics* 199, 1183-1199.
- Orn, C., Shihido, R., Akimoto, M., Ishikawa, R., Htun, T.M., Nonomura, K., Koide, Y., Sarom, M., Vang, S., Sophany, S., Makara, O., and Ishii, T. (2015) Evaluation of genetic variation among wild rice populations in Cambodia. *Breed Sci* 65, 430-437.
- Osada, N. (2015) Genome-scale approaches for studying human and non-human primate evolution. *Genes Genet Syst* 90, 121-122.
- Osada, N. (2015) Genetic diversity in humans and non-human primates and its evolutionary consequences. *Genes Genet Syst* 90, 133-145.
- Osada, N., Hettiarachchi, N., Adeyemi, Babarinde I., Saitou, N., and Blancher, A. (2015) Whole-genome sequencing of six Mauritian *Cynomolgus* macaques (*Macaca fascicularis*) reveals a genome-wide pattern of polymorphisms under extreme population bottleneck. *Genome Biol Evol* 7, 821-830.
- Pennell, M.W., Kirkpatrick, M., Otto, S.P., Vamori, J.C., Peichel, C.L., Valenzuela, N., and Kitano, J. (2015) Y fuse? Sex chromosome fusions in fishes and reptiles. *PLoS Genet* 11, e1005237.
- Perkins, L.A., Holderbaum, L., Tao, R., Hu, Y., Sopko, R., McCall, K., Yang-Zhou, D., Flockhart, I., Binari, R., Shim, H.S., Miller, A., Housden, A., Foss, M., Randklev, S., Kelley, C., Namygal, P., Villata, C., Liu, L.P., Jiang, X., Huan-Huan, Q., Wang, X., Fujiyama, A., Toyoda, A., Ayers, K., Blum, A., Czech, B., Neumuller, R., Yan, D., Cavallaro, A., Hibbard, K.,

予算 Budget

2016年度 (FY2016)

(×1,000yen)

収入 Revenue		支出 Expenditure	
区分	金額	区分	金額
運営費交付金 Grants for Operating Corporation	2,671,661	教育研究経費 Education and Research	2,688,566
補助金等収入 Various Grants	485,970	補助金等 Grants	485,970
雑収入 Miscellaneous	16,905	産学連携等研究経費及び寄附金事業費等 Industry-Academia Collaboration and Projects	752,947
産学連携等研究収入及び寄附金収入等 Industry-Academia Collaboration and Donations	752,947	合計 Total	3,927,483*
合計 Total	3,927,483*	※機構長裁量経費を除く	

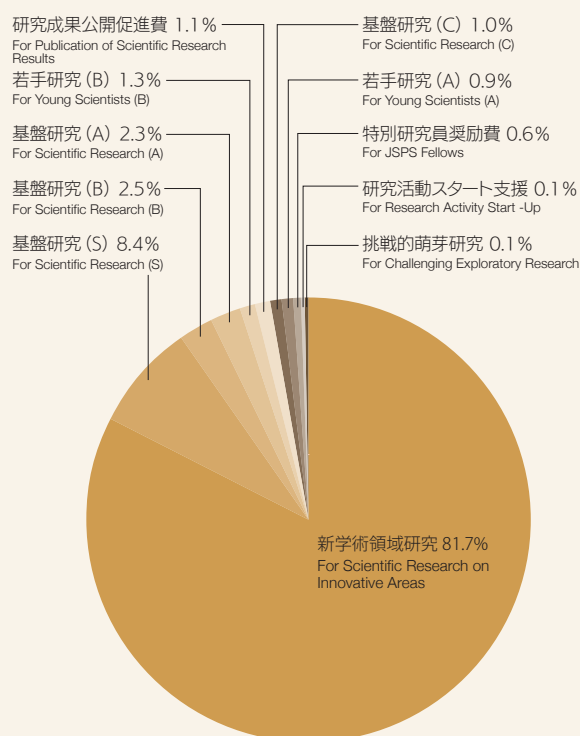


科学研究費 Grant-in-Aid for Scientific Research

2015年度 (FY2015)

(×1,000yen)

研究種目	交付額 / 交付件数 Amount / the Number of Applications Granted
新学術領域研究 For Scientific Research on Innovative Areas	1,216,400 / 18
基盤研究 (S) For Scientific Research (S)	33,800 / 1
基盤研究 (A) For Scientific Research (A)	125,000 / 12
基盤研究 (B) For Scientific Research (B)	37,200 / 8
基盤研究 (C) For Scientific Research (C)	8,900 / 7
挑戦的萌芽研究 For Challenging Exploratory Research	19,800 / 13
若手研究 (A) For Young Scientists (A)	13,800 / 3
若手研究 (B) For Young Scientists (B)	14,350 / 11
研究成果公開促進費 For Publication of Scientific Research Results	1,700 / 1
研究活動スタート支援 For Research Activity Start-Up	2,200 / 2
特別研究員奨励費 For JSPS Fellows	16,200 / 13
合計 Total	1,489,350 / 89



(2016. 3月末現在)

Biological Symposia

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
4/10	Masakazu Hashimoto	Division of Developmental Biology, Graduate School of Medicine, Chiba University	High-throughput Production of Mutant Mice by Electroporation of CRISPR/Cas9 System
5/20	Tomomi Tsubouchi	National Institute for Basic Biology	Understanding Implications of DNA Synthesis in Nuclear Reprogramming Towards Pluripotency
6/1	Craig A. Smith	Monash University, Australia	Sex Chromosomes and Sex-Determining Genes in Birds
6/1	Masaki Sasai	Department of Computational Science and Engineering, Nagoya University	Towards a Theory of Eukaryotic Gene Regulation Dynamics
6/1	Luca Comai	Genome Center and Plant Biology Department, University of California, Davis, USA	Sex-Determination Mechanisms in Diploid Persimmon
6/1	Bernie Carroll	School of Chemistry and Molecular Biosciences, The University of Queensland, Australia	Molecular Basis of Meiotic Drive in Tomato Pollen
6/8	Thomas Mueller	Kansas State University, USA	The Zebrafish Telencephalon – Anatomical Clues to Its Functional Organization
6/11	Takuya Nakayama	Department of Biology, University of Virginia, USA	Xenopus Tropicalis, a Model Organism for the New Genetics Era: From Forward to Reverse Genetics and Now Including Gene Targeting
6/23	Takanari Inoue	Department of Cell Biology, Johns Hopkins University, USA	Illuminating Ciliary Signaling by Molecular Sensors and Actuators
6/24	Rothstein Rodney	Columbia University Medical Center, USA	The Ribonucleotide Reductase Regulator, Sml1, is an Ortholog of Mis 18 and Plays a dNTP-Independent Role in Chromosome Segregation
6/26	Thomas Schalch	Department of Molecular Biology, University of Geneva, Switzerland	Heterochromatin up close: Structure and Function of the <i>S. Pombe</i> Silencing Machinery
6/26	Rob Martienssen	The Howard Hughes Medical Institute and the Gordon and Betty Moore Foundation (HHMI-GBMF), Cold Spring Harbor Laboratory, NY, USA	Heterochromatin Reprogramming With Histone Variants and Small RNA
6/29	Ken'ichi Mizuno	Genome Damage & Stability Centre, University of Sussex, UK	Molecular Mechanisms of DNA Replication Errors Under Replication Stresses and the Subsequent Chromosome Instability
6/30	Asano Ishikawa	Division of Ecological Genetics, National Institute of Genetics	Molecular Mechanisms Underlying Adaptive Evolution in Sticklebacks
7/21	Keisuke Yonehara	DANDRITE-Danish Research Institute of Translational Neuroscience Nordic EMBL Partnership for Molecular Medicine, Aarhus University, Denmark	Spatially Asymmetric Neuronal Connectivity in Motion-Sensitive Circuits
7/28	Minoru Tanaka	Laboratory of Molecular Genetics for Reproduction, National Institute for Basic Biology	Germ Cells and Sex Determination
7/28	Hiroshi Kudoh	Center for Ecological Research, Kyoto University	Field Epigenetics: A Robust Control of Gene Expression Through Histone Modification
7/30	Atsuo Kawahara	Laboratory for Developmental Biology, University of Yamanashi	Functional Analysis of Shingosine-1-Phosphate (S1P) Using Genome Editing Technologies
8/4	Florian Engert	Harvard University, USA	Binocular Motion Processing in the Larval Zebrafish
8/17	Akatsuki Kimura	Cell Architecture Laboratory, Structural Biology Center, National Institute of Genetics	Size Scaling Between the Cell, Nucleus and Chromosomes – The Secrets of Building Cell Architecture Without an Architect –
8/20	Daisuke Takao	Michigan University, USA	Distinct Pathways for Ciliary Entry of Cytosolic and Membrane Proteins
8/27	Joachim Lingner	Swiss Institute for Experimental Cancer Research (ISREC), Ecole Polytechnique Fédérale de Lausanne (EPFL), Switzerland	Telomeric Chromatin in Health and Disease
9/29	Hirokazu Tanimoto	MINC Group, Institut Jacques Monod, Paris, France	Force, Shape, and Motility
10/6	Tomotaka Matsumoto	Division of Evolutionary Genetics, National Institute of Genetics	Inference Methods in Genome Evolution: Weak Selection Matters
10/14	Mitsuhiro Itaya	Laboratory of Genome Designing Biology, Institute for Advanced Biosciences, Keio University,	Genome Editing Technologies Investigated and Invented by <i>Bacillus Subtilis</i> for 20 years
10/21	Ken-ichi Nonomura	Experimental Farm, National Institute of Genetics	Impact of Small RNA Pathways on Plant Reproductive Development and Meiosis
10/21	Yutaka Sato	Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University	Plant Embryogenesis: Conservations and Diversities Envisaged From Rice Research
11/10	David Sherratt	Oxford University, UK	The <i>E. Coli</i> SMC Complex, MukBEF, Coordinates TopoIV-Mediated Decatenation with Chromosome Segregation

開催日 (Date)	演者 (Speaker)	所属 (Affiliation)	演題 (Title)
11/19	Tarun Kapoor	Laboratory of Chemistry and Cell Biology, The Rockefeller University, USA	Examining How Nanometer-Sized Proteins Assemble Dynamic Micron-Sized Structures Needed for Successful Cell Division
11/24	Stephan C. Schuster	Singapore Centre for Environmental Life Sciences Engineering (SCELESE), Nanyang Technological University, Singapore	On the State of Next-Gen Sequencing
11/25	Hiroaki Ishikawa	University of California, San Francisco, USA	An Intraflagellar Transport Protein is Required for Transport of Motility-Related Proteins into Cilia/Flagella
11/25	Daisuke Satoh	Biozentrum Department of Cell Biology, University of Basel, and Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research, Switzerland	Context-Dependent Gait Choice Regulated by EphA4 Signaling in Lbx1 Spinal Interneurons
11/26	Yutaka Suzuki	Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo	Single Cell Analysis of Lung Cancer Cell Lines
11/26	Masatoshi Matsunami	Graduate School of Environmental Science, Hokkaido University	Morphology and Transcriptome of Phenotypic Plasticity in the Hokkaido Salamander (<i>Hynobius retardatus</i>)
11/26	Kenji Sugioka	Institute of Molecular Biology, University of Oregon, USA	Mechanisms of Selective Cellular Patterning During <i>C.elegans</i> D-V Axis Establishment
12/7	Michael Webb	School of Chemistry, University of Leeds, UK	From Protein Autoactivation to a New Mode for Metabolic Regulation? Lessons from the Structure of the PanDZ Protein Complex
12/9	Angela Giangrande	Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire (IGBMC), Strasbourg, France	Of Glia and Blood
12/9	Ciaran Morrison	Centre for Chromosome Biology, National University of Ireland Galway, Ireland	Functions of the Centrioles in Nucleotide Excision Repair and Primary Ciliogenesis
12/9	Katsunori Sugimoto	New Jersey Medical School, Rutgers University, USA	Regulation of ATM-related Protein Kinase Tel1
12/10	Laurent Excoffier	Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Switzerland	Of Bacteria and Men: Evidencing the Buildup of a Mutation Load During Range Expansions
12/14	Ken Kurokawa	Earth-Life Science Institute, Tokyo Institute of Technology	Metagenomics and Database
12/15	Hallam Stevens	Division of History, Nanyang Technological University, Singapore	Globalizing Genomics: The Emergence of the International Nucleotide Sequence Database Collaboration
12/24	Aiko Sada	Department of Molecular Biology and Genetics, Cornell University, Ithaca, NY, USA	Defining the Cellular Lineage Hierarchy in Adult Skin Epidermis
1/14	Takayuki Kuraishi	Kanazawa University	Infection-Dependent Versus – Independent Activation of <i>Drosophila</i> Innate Immune Signaling
1/18	Takayuki Fujiwara	Division of Symbiosis and Cell Evolution, National Institute of Genetics	Toward Understanding the Relationship Between a Day-Night Cycle and Cell Cycle Progression in Photosynthetic Eukaryotes
1/22	Masato Kanemaki	Molecular Function Laboratory, National Institute of Genetics	Auxin-Inducible Degron (AID) Technology in Human Cells
2/9	Jonathon Howard	Yale University, USA	Measuring Centering Forces in the <i>C. elegans</i> Embryo Using Magnetic Tweezers
2/10	Laura G. Reinholdt	The Jackson Laboratory, Main, USA	Forward Genetic Approaches for Mendelian Disease Modeling in Mice
2/16	Megumi Tsujimoto	National Institute of Polar Research	Antarctic Terrestrial Ecosystem and Ecology of an Antarctic Tardigrade, <i>Acutuncus</i>
2/18	Hiroshi Sugiyama	Department of Chemistry, Graduate School of Science and Institute for Integrated Cell-Material Sciences (iCeMS), Kyoto University	Chemical Biology of Nucleic Acids: DNA Origami and Artificial Genetic Switch
3/4	Manyuan Long	Department of Ecology and Evolution, The University of Chicago, USA	Evolution of Phenotypic Control by New Genes Through Integrating and Rewiring of Ancestral Expression Networks
3/14	Morihiro Okada	Laboratory of Gene Regulation and Development, National Institute of Child Health and Human Development, National Institute of Health (NIH), USA	Tadpoles as Models for Adult Stem Cell Development in the Intestine
3/14	Zhou Zhi	Mammalian Development Laboratory, National Institute of Genetics	The RNA Binding Protein Nano2 Organizes a Post-Transcriptional Buffering System to Maintain the Primitive Status of Mouse Spermatogonial Stem Cells
3/17	Kenta Sumiyama	Laboratory for Mouse Genetic Engineering, RIKEN Quantitative Biology Center (QBIC)	Triple-Target CRISPR Enables Almost Perfect Whole-Body Bi-Allelic Knockouts at First Generation
3/31	Youichirou Ninomiya	Mammalian Development Laboratory, National Institute of Genetics	Let Data Speak Out: How Much We Can Draw Information From a Set of Fluorescent Images?

内容	氏名
第24回(平成27年度)木原記念財団学術賞 「細胞内ゲノムDNAの折り畳み構造の解明」	生体高分子研究室 教授 前島一博
平成28年度文部科学大臣表彰 若手科学者賞 「細胞の形態形成を導く空間シグナルの研究」	細胞空間制御研究室 准教授 小田祥久
総合研究大学院大学 遺伝学専攻 森島奨励賞	集団遺伝研究部門 大学院生 Isaac Adeyemi Babarinde
第12回日本学術振興会賞 「トゲウオ科魚類における種分化と適応進化の遺伝機構の研究」	生態遺伝学研究部門 教授 北野潤
29th International Mammalian Genome Conference (IMGC 2015) Lorraine Flaherty Award	マウス開発研究室 融合プロジェクト特任研究員 田邊 彰
29th International Mammalian Genome Conference (IMGC 2015) Outstanding Poster Presentation Award	マウス開発研究室 大学院生 松本悠貴
日本植物学会第79回大会 奨励賞 「二次細胞壁パターンを創り出す空間シグナルの研究」	細胞空間制御研究室 准教授 小田祥久
公益財団法人遠州頌徳会 2014年度遺伝学奨励賞	集団遺伝研究部門 教授 斎藤成也
第62回日本実験動物学会 奨励賞 「ゲノム編集技術を用いた遺伝子改変ラットの開発研究」	マウス開発研究室 助教 吉見一人
三島市長特別賞	名誉教授 太田朋子
平成27年度科学技術分野の文部科学大臣表彰若手科学者賞 「有糸分裂紡錘体の集合と機能を制御する細胞内物理化学の研究」	定量メカノバイオロジー研究室 准教授 島本勇太
総研大未来科学者賞 「新生仔大脳皮質における入力依存的なパレル神経回路発達機構の解析」	形質遺伝研究部門 大学院生 中沢信吾
日本生態学会奨励賞(鈴木賞) 「表現型可塑性の進化とその分子遺伝機構」	生態遺伝学研究室 研究員 石川麻乃

Intellectual Property Rights

国内出願 5件

アイテム推薦システム及びアイテム推薦方法	原一夫/鈴木郁美	特願2015-147269
動物細胞ゲノム部位特異的外来DNA挿入方法	鐘巻将人/夏目豊彰	特願2015-162612
膜型ニューレグリンのエクトドメインシェディング可視化プローブ	川上浩一	特願2016-053156
DNAメチル化による植物遺伝子発現抑制を解除する方法	角谷徹仁/保坂 碧/フ コウ/ 斎藤 絡/佐々木 卓/高嶋和哉	特願2016-066012
大腸癌モデル動物、大腸癌モデル動物の製造方法、抗癌剤、アレルギーモデル動物、アレルギーモデル動物の製造方法、及びスクリーニング方法	城石俊彦/天野孝紀	特願2016-069775

国際出願 4件

情報処理装置、情報処理方法、プログラム及び非一時記憶媒体(PCT出願)	原 一夫/鈴木郁美	PCT/JP2016/051909
動物細胞ゲノム部位特異的外来DNA挿入方法(PCT出願)	鐘巻将人/夏目豊彰	PCT/JP2016/059174
動物細胞ゲノム部位特異的外来DNA挿入方法(US仮出願)	鐘巻将人/夏目豊彰	62265425
DNAメチル化による植物遺伝子発現抑制を解除する方法(US仮出願)	角谷徹仁/保坂 碧/フ コウ/ 斎藤 絡/佐々木 卓/高嶋和哉	62314404

Research Organization of Information and Systems

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構



機構長 北川源四郎
KITAGAWA, Genshiro
President

機構本部

〒105-0001
東京都港区虎ノ門4-3-13
ヒューリック神谷ビル 2階
TEL (03) 6402-6200
<http://www.rois.ac.jp/>

機構所属研究所

国立極地研究所
National Institute of Polar Research
〒190-8518 東京都立川市緑町10-3
TEL (042) 512-0608 <http://www.nipr.ac.jp/>

国立情報学研究所
National Institute of Informatics
〒101-8430 東京都千代田区一ツ橋2-1-2
TEL (03) 4212-2000 <http://www.nii.ac.jp/>

統計数理研究所
The Institute of Statistical Mathematics
〒190-8562 東京都立川市緑町10-3
TEL (050) 5533-8500 <http://www.ism.ac.jp/>

国立遺伝学研究所
National Institute of Genetics
〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
TEL (055) 981-6707 <https://www.nig.ac.jp/>

■ 機構長の挨拶

私たちの住む現代社会は、情報通信技術の飛躍的発展を背景に、かつてない大きな変革の時期を迎えています。20世紀後半の情報技術の進展は情報の価値を物質・エネルギーと同等のものに高め、情報社会が確立しました。しかし現在ではさらに一歩進んで、科学・技術の研究の場に限らず、社会のあらゆる場面において、時々刻々大量の情報ほとんど自動的に取得されるようになってきました。この結果、コピキタス社会の到来が現実のものとなり、社会体制も科学・技術の在り方も大きく変化して、量が質に転化するという使い古された言葉が現前した感があります。とくに、科学・技術の世界においては、従来の理論・実験に加え、計算が第三の科学的方法論として確立し、今後は第4の科学ともいわれるデータ中心科学の確立が必要になっています。

情報・システム研究機構は、大学共同利用機関の法人化に伴って、現代社会が直面する複雑な対象を情報とシステムの観点から捉えようとする理念のもとに、国立情報学研究所、統計数理研究所、国立遺伝学研究所、国立極地研究所が結集して構成されたものです。機構の研究所は、それぞれの研究者コミュニティを背景に特色を活かして独自の立場から先端的な研究を推進し、新しい科学的方法論の確立と新しい研究領域の開拓によって機構の理念の実現を目指しています。また、大学共同利用機関として、それぞれの学問領域の特性を考慮しつつ共同利用・共同研究の機能を強化してまいります。さらに、大学共同利用機関の第3の使命である大学院教育に関しては、総合研究大学院大学の基盤機関として、新しい時代の学術研究の担い手を育成します。

新時代の学術研究へ向けての情報・システム研究機構の挑戦に、皆様のご支援ご鞭撻をお願い申し上げます。

■ Message from the President

With the rapid development of information and communications technology, the modern society in which we live is experiencing unprecedented change. Progress in information technology in the late 20th century heightened the value of information to a level equal to that of materials and energy, establishing an information society. Currently, it has progressed to the level where enormous volumes of information can almost automatically and instantaneously be obtained in almost every sphere of society, not just in the areas of scientific and technological research. As a result, the advent of the ubiquitous society is a reality, and social systems as well as the role of science and technology have changed significantly; it seems that the cliché about quantity evolving to quality has become a real possibility. In the world of science and technology, computation has now been established as the third scientific methodology, next to theory and experiment, and the need for the establishment of data-centered science, the so-called “fourth science,” is already upon us.

With the incorporation in 2004 of the Inter-University Research Institutes, the Research Organization of Information and Systems (ROIS) was established to bring together the National Institute of Informatics, the Institute of Statistical Mathematics, the National Institute of Genetics and the National Institute of Polar Research for the purpose of capturing and analyzing, from the perspective of information and systems, various of the complex phenomena encountered in modern society. The institutes, backed by their research communities, harness their own special features and promote cutting-edge research from their unique standpoints, attempting to construct new research paradigms and open up new research areas in fulfillment of the mission of ROIS. ROIS will further strive to strengthen its joint use and joint research functions as an inter-university research institute paying attention to the characteristics of each area of study. For graduate school education, the third mission of an inter-university research institute, ROIS functions as the core organization behind the SOKENDAI (Graduate University for Advanced Studies), training human resources to lead academic research in a new age.

We hope that you will continue to support and encourage ROIS as it pursues a new era of academic research.

SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies)

国立大学法人 総合研究大学院大学



学長 岡田泰伸
OKADA, Yasunobu
President

所在

〒240-0193 神奈川県三浦郡葉山町 (湘南国際村)
Shonan Village, Hayama, Kanagawa 240-0193 Japan
TEL 046(858)1500 <http://www.soken.ac.jp/>

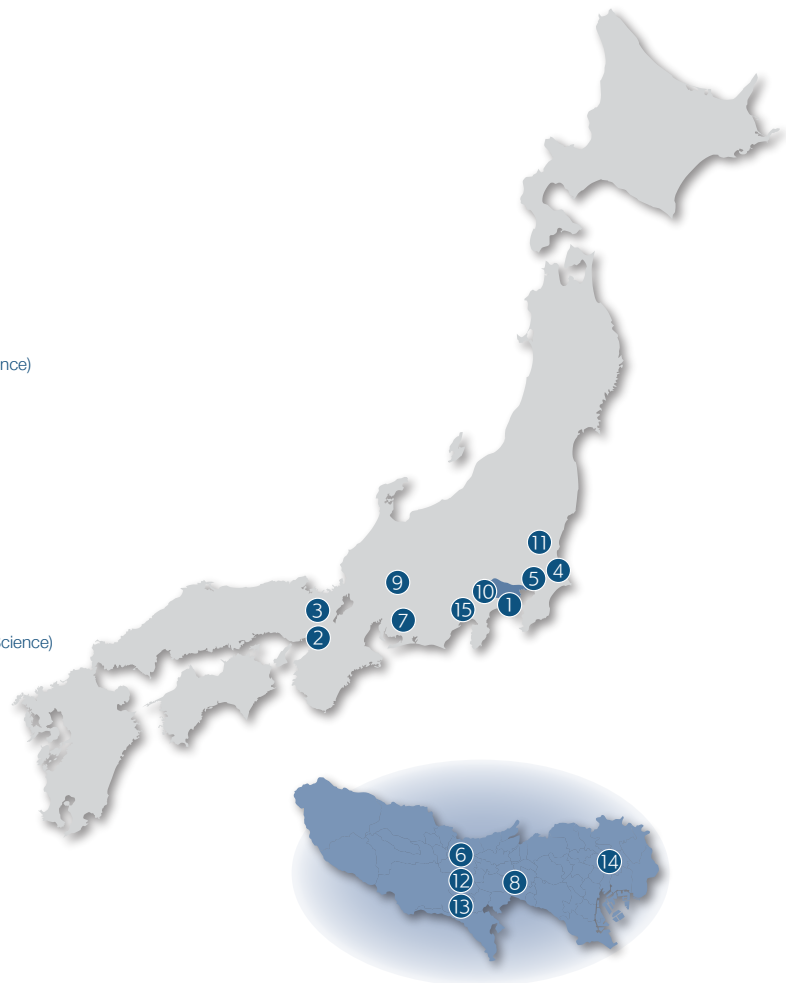
総合研究大学院大学 (以下、総研大) は、1988年にわが国で最初に設立された自らは学部を持たない大学院だけの大学 (独立大学院大学) であり、人文・理工にわたる学術分野につき総合的な博士課程教育を、大学共同利用機関等を基盤機関として、それらの優れた研究・学習環境を最大限に生かして行うことにより、高い専門性と広い視野を持った一流の研究者を養成するという世界にも類例のないユニークな大学です。

SOKENDAI (The Graduate University for Advanced Studies) was established in 1988 as Japan's first independent graduate university without undergraduate courses. SOKENDAI is unique in the world in that it provides comprehensive doctoral programs in academic fields ranging from the arts and humanities to science and engineering in cooperation with parent institutes, such as Inter-University Research Institutes, the excellent research and learning environments of which are fully leveraged to nurture leading researchers with outstanding expertise and broad perspectives.

▶ Inter-University Research Institutes participating in the Graduate University for Advanced Studies

総研大に参加する大学共同利用機関

- ① 総研大本部 (生命共生体進化学専攻)
The Graduate University for Advanced Studies
(Department of Evolutionary Studies of Biosystems)
- ② 国立民族学博物館 (地域文化学専攻・比較文化学専攻)
National Museum of Ethnology
(Department of Regional Studies・Department of Comparative Studies)
- ③ 国際日本文化研究センター (国際日本研究専攻)
International Research Center for Japanese Studies (Department of Japanese Studies)
- ④ 国立歴史民俗博物館 (日本歴史研究専攻)
National Museum of Japanese History (Department of Japanese History)
- ⑤ 教育支援センター (メディア社会文化専攻)
Center for Open Distance Education (Department of Cyber Society and Culture)
- ⑥ 国文学研究資料館 (日本文学研究専攻)
National Institute of Japanese Literature (Department of Japanese Literature)
- ⑦ a. 分子科学研究所 (構造分子科学研究科・機能分子科学専攻)
Institute for Molecular Science
(Department of Structural Molecular Science・Department of Functional Molecular Science)
b. 基礎生物学研究所 (基礎生物学専攻)
National Institute for Basic Biology (Department of Basic Biology)
c. 生理学研究所 (生理科学専攻)
National Institute for Physiological Sciences (Department of Physiological Sciences)
- ⑧ 国立天文台 (天文科学専攻)
National Astronomical Observatory (Department of Astronomical Science)
- ⑨ 核融合科学研究所 (核融合科学専攻)
National Institute for Fusion Science (Department of Fusion Science)
- ⑩ 宇宙科学研究所 (宇宙科学専攻)
Institute of Space and Astronautical Science (Department of Space and Astronautical Science)
- ⑪ a. 加速器研究施設・共通基盤研究施設 (加速器科学専攻)
Accelerator Laboratory・Applied Research Laboratory
(Department of Accelerator Science)
b. 物質構造科学研究所 (物質構造科学専攻)
Institute of Materials Structure Science (Department of Materials Structure Science)
c. 素粒子原子核研究所 (素粒子原子核専攻)
Institute of Particle and Nuclear Studies (Department of Particle and Nuclear Physics)
- ⑫ 統計数理研究所 (統計科学専攻)
The Institute of Statistical Mathematics (Department of Statistical Science)
- ⑬ 国立極地研究所 (極域科学専攻)
National Institute of Polar Research (Department of Polar Science)
- ⑭ 国立情報学研究所 (情報学専攻)
National Institute of Informatics (Department of Informatics)
- ⑮ 国立遺伝学研究所 (遺伝学専攻)
National Institute of Genetics (Department of Genetics)





シンボルマークは減数分裂第一中期の分裂像を図案化したもので、「地球の歴史は地層に、生物の歴史は染色体に記されている」(木原 均、1946)を表している。

Symbol mark of the Institute, which designs the metaphase plate of the first meiotic division and symbolizes the remark by Dr. Hitoshi Kihara (1946): "The history of the earth is recorded in the layers of its crust; the history of all organisms is inscribed in the chromosomes."

要覧 2016年度

<https://www.nig.ac.jp>

国立遺伝学研究所管理部

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
1111 Yata, Mishima, Shizuoka-ken 411-8540 JAPAN
TEL 055-981-6707 FAX 055-981-6715

National Institute of Genetics

国立遺伝学研究所







<https://www.nig.ac.jp>